



19398

①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 198 17 946 A 1**

⑤1 Int. Cl.⁶:
C 07 K 16/00
C 07 K 14/435
A 61 K 38/17
C 07 H 21/04

⑳ Aktenzeichen: 198 17 946.4
㉔ Anmeldetag: 17. 4. 98
㉕ Offenlegungstag: 21. 10. 99

DE 198 17 946 A 1

⑦1 Anmelder:
metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,
14195 Berlin, DE

⑦4 Vertreter:
Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505
Berlin

⑦2 Erfinder:
Rosenthal, Andre, Prof., Dr., 10115 Berlin, DE;
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,
DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

⑤4 Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterus-Normalgewebe

⑤7 Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -
mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Uterusnor-
malgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodie-
ren, und deren Verwendung beschrieben.
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen
Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 17 946 A 1

Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist der Uterustumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

- Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

- Für die Suche nach Kandidatengen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

- Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterustumor eine Rolle spielen.

- Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-20.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-20.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1-20 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

- Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62, die im Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 1-20 hybridisieren.

- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

- Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No. 1-20 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

- Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrec99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt,

lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung. 5

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird. 10

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden. 15

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID No. 63-117. 20

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID No. 63-117 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 kodiert werden. 25

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper und Antikörper aus Phage-Displays zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID No. 63-117 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können. 30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 63-117 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 63-117 enthalten. 35

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-62 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5). 40

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 62, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer. 45

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen 50

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann. 55

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält. 60

Erklärung zu den Alignmentparametern 60

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %. 65

Erklärung der Abbildungen

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank,
Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung,
5 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung,
Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben,
Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern,
Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern,
Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.
10 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

15 Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

- Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen
20 (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513	0.8686	
Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0109	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485	25
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0272				
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0979				55
Foetal	0.0070				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0050				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0167				65

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0083

65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0115	0.0094	1.2250	0.8164	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	10
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0037	0.0113	0.3273	3.0557	15
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0125	0.0041	3.0482	0.3281	25
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	30
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef	
Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615	35
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	40
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0089				45
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				50

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	45
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	50
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	55

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0041	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	65
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	70
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	75
Uterus_n	0.0083	

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				
					35
FOETUS					
%Haeufigkeit					
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				40
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				45
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				50
					55
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				60
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				65
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0125				

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				50
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0089	0.0041	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0273	0.0128	2.1356 0.4682	5
Brust	0.0320	0.0188	1.7013 0.5878	
Duenn darm	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863 0.3723	
Endokrines Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887 0.8413	
Gastrointestinal	0.0287	0.0046	6.2125 0.1610	10
Gehirn	0.0037	0.0082	0.4500 2.2223	
Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117 4.7230	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0148	0.0137	1.0794 0.9265	15
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326	
Lunge	0.0135	0.0102	1.3209 0.7571	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4202 2.3799	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567 1.1673	
Niere	0.0271	0.0205	1.3217 0.7566	20
Pankreas	0.0099	0.0497	0.1994 5.0142	
Penis	0.0180	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0218	0.0234	0.9306 1.0746	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0204	3.3668 0.2970	25
Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0250			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0036			
Lunge	0.0434			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0247			45
Placenta	0.0303			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0884			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0557			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0157			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0328			
Nerven	0.0080			
Prostata	0.0137			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0125			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0115	0.0169	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0113	0.4582	2.1827
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0042	0.0123	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0205	0.2643	3.7829
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0954	0.3202	3.1226
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0111
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	5
Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	10
Endokrines Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef	
Gehirn	0.0067	0.0082	0.8100	1.2346	
Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000	15
Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	25
Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	30
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357	
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				35
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0139				
Zervix	0.0000				40
					45
					50
					55
					60
					65

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0079
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0136
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0203
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0041
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0030
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0083

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0025	4.7547	0.2103
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0010	4.3198	0.2315
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343	
Endokrines Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0044	0.0031	1.4399	0.6945	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0104	0.0020	5.0803	0.1968	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	20
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0108	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	45
Placenta	0.0121	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0070	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0082	0.3810	2.6245
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0205	0.2643	3.7829
20	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0064	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0275	0.1156	8.6471	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	60
Nerven	0.0000	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0094	1.0888	0.9184
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
10	Endokrines Gewebe	0.0153	0.0201	0.7642	1.3086
	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0103	0.0144	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529	2.8338
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0166	0.0123	1.3548	0.7381
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
25	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0196	0.0234	0.8375	1.1940
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0157
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0456
	Endokrines Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0140
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
65	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0102	0.0150	0.6805 1.4694	
Duennndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025 0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400 1.5626	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542 6.4853	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387 2.9526	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0428	0.0060	7.1388 0.1401	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	20
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6857	
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0213			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0000	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0182	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0023	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0246	
Nerven	0.0090	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0050	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0067	0.0072	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0085	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0076
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0208

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0546	0.0281	1.9415 0.5151	5
Brust	0.0397	0.0169	2.3440 0.4266	
Duennndarm	0.0399	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0599	0.0312	1.9188 0.5212	
Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0226	2.1132 0.4732	
Gastrointestinal	0.0134	0.0416	0.3221 3.1043	10
Gehirn	0.0163	0.0205	0.7920 1.2627	
Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0330	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0518	0.0000 undef	
Herz	0.0159	0.0412	0.3855 2.5941	
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759 0.6775	15
Lunge	0.0114	0.0225	0.5080 1.9684	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151 3.1733	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0360	0.3807 2.6265	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965 2.5219	
Pankreas	0.0149	0.0497	0.2991 3.3428	20
Penis	0.0449	0.0800	0.5616 1.7807	
Prostata	0.0305	0.0405	0.7543 1.3258	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0915	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0480			
Prostata-Hyperplasie	0.0446			
Samenblase	0.0801			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			30
Zervix	0.0532			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0639	
Gehirn	0.0250	
Haematopoetisch	0.0472	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0253	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0556	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0557	
Endokrines_Gewebe	0.0245	55
Foetal	0.0198	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.1253	
Haut-Muskel	0.0745	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	60
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0310	
Uterus_n	0.0291	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0167

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0624	0.0204	3.0509	0.3278	5
Brust	0.0077	0.0000	undef	0.0000	
Duennndarm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395	
Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0536	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428	20
Penis	0.1198	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0479	0.0277	1.7323	0.5773	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0991	0.0272	3.6474	0.2742	
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0446				
Samenblase	0.0267				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0213				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0139	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0118	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0000	45
Prostata	0.0499	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	50
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0064	55
Gastrointestinal	0.0488	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	60
Nerven	0.0060	
Prostata	0.0342	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0500	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0376	0.4423	2.2607
	Duennndarm	0.0399	0.0331	1.2049	0.8299
	Eierstock	0.0270	0.0546	0.4934	2.0268
	Endokrines Gewebe	0.0341	0.0075	4.5283	0.2208
10	Gastrointestinal	0.0441	0.0278	1.5877	0.6299
	Gehirn	0.0140	0.0288	0.4885	2.0469
	Haematopoetisch	0.0361	0.0758	0.4764	2.0991
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0244	0.1375	0.1773	5.6394
15	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0447	0.0470	0.9498	1.0528
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0300	0.9138	1.0944
	Niere	0.0516	0.0342	1.5068	0.6637
20	Pankreas	0.0215	0.0221	0.9722	1.0286
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0458	0.0277	1.6535	0.6048
	Uterus_Endometrium	0.0608	0.2111	0.2881	3.4714
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0595			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1006			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0222
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0545
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0078	0.0128	0.6102 1.6389	5
Brust	0.0179	0.0150	1.1909 0.8397	
Duenn darm	0.0215	0.0165	1.2976 0.7707	
Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147 0.4964	
Endokrines Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849 0.6309	
Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.0067	0.0236	0.2817 3.5496	
Haematopoetisch	0.0361	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0220	0.1695	0.1300 7.6946	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0244	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0468	0.1230 8.1305	15
Lunge	0.0145	0.0143	1.0161 0.9842	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866	
Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7133 0.5837	
Niere	0.0190	0.0068	2.7756 0.3603	
Pankreas	0.0149	0.0387	0.3846 2.6000	20
Penis	0.0269	0.0267	1.0108 0.9893	
Prostata	0.0392	0.0490	0.8011 1.2483	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0534	0.0068	7.8559 0.1273	
Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405 1.5613	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			30
Zervix	0.0213			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0557	35
Gastrointestinal	0.0305	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0354	
Haut	0.5025	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0285	
Lunge	0.0181	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0371	
Placenta	0.0242	45
Prostata	0.0249	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0272	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0101	
Endokrines Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0099	55
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0082	60
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0205	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0166	0.0395	0.4213	2.3737
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0329	0.0260	1.2664	0.7897
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0050	4.7547	0.2103
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0144	0.5657	1.7678
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0476	0.0065	7.3530	0.1360
	Herz	0.0148	0.0687	0.2159	4.6324
15	Hoden	0.0575	0.0234	2.4599	0.4065
	Lunge	0.0270	0.0041	6.6045	0.1514
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0307	1.5757	0.6347
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
	Niere	0.0217	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0706			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0269			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0911
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0231
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0039	0.0153	0.2542	3.9333	5
Brust	0.0115	0.0169	0.6805	1.4694	
Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789	
Eierstock	0.0120	0.0078	1.5350	0.6515	
Endokrines Gewebe	0.0102	0.0276	0.3705	2.6991	
Gastrointestinal	0.0249	0.0093	2.6921	0.3715	10
Gehirn	0.0111	0.0082	1.3499	0.7408	
Haematopoetisch	0.0214	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706	0.6800	
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0104	0.0123	0.8467	1.1810	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406	
Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857	20
Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035	
Prostata	0.0044	0.0192	0.2275	4.3961	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0650				30
Zervix	0.0106				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0222				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.1014				
Niere	0.0494				
Placenta	0.0121				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0251				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0544				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0280				55
Gastrointestinal	0.0488				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0389				
Hoden	0.0077				
Lunge	0.0082				60
Nerven	0.0151				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0250				65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0217	0.0094	2.3138	0.4322
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0082	1.3499	0.7408
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0312	0.0123	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0612
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0585	0.0613	0.9534	1.0489	5
Brust	0.0307	0.0789	0.3889	2.5715	
Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0479	0.0364	1.3157	0.7600	
Endokrines Gewebe	0.0528	0.0627	0.8423	1.1873	
Gastrointestinal	0.0326	0.0509	0.6401	1.5623	10
Gehirn	0.0407	0.0575	0.7071	1.4142	
Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0333	0.0518	0.6434	1.5543	
Herz	0.0477	0.0825	0.5782	1.7294	15
Hoden	0.0518	0.0585	0.8856	1.1292	
Lunge	0.0602	0.0368	1.6370	0.6109	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0613	0.6303	1.5866	
Muskel-Skelett	0.0325	0.0240	1.3564	0.7373	
Niere	0.0299	0.0479	0.6231	1.6049	20
Pankreas	0.0182	0.0442	0.4113	2.4312	
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0436	0.0660	0.6604	1.5142	
Uterus_Endometrium	0.1284	0.7916	0.1622	6.1662	
Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713	
Uterus_allgemein	0.0611	0.0954	0.6405	1.5613	25
Brust-Hyperplasie	0.0416				
Prostata-Hyperplasie	0.0535				
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286				30
Zervix	0.0319				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0417				
Gastrointestinal	0.0611				
Gehirn	0.0688				
Haematopoetisch	0.0551				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0107				
Lunge	0.0289				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0556				
Placenta	0.1272				45
Prostata	0.0748				
Sinnesorgane	0.0126				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0612				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0354				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0786				
Gastrointestinal	0.0732				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0778				
Hoden	0.1080				60
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0402				
Prostata	0.0137				
Sinnesorgane	0.0387				
Uterus_n	0.0458				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1560	0.0460	3.3899	0.2950
	Brust	0.1113	0.0414	2.6912	0.3716
	Duennndarm	0.0491	0.0165	2.9659	0.3372
	Eierstock	0.0629	0.0416	1.5110	0.6618
	Endokrines Gewebe	0.0341	0.0527	0.6469	1.5458
10	Gastrointestinal	0.0824	0.0139	5.9364	0.1685
	Gehirn	0.0140	0.0585	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.1689	0.0847	1.9927	0.5018
	Hepatisch	0.0904	0.0259	3.4927	0.2863
	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0592	0.0286	2.0684	0.4835
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0891	0.1080	0.8249	1.2122
	Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
20	Pankreas	0.0248	0.0166	1.4957	0.6686
	Penis	0.0629	0.0267	2.3586	0.4240
	Prostata	0.1700	0.0873	1.9474	0.5135
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0528	0.3841	2.6035
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.1040			
	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.1059			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.2150			
	Zervix	0.2555			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0361
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0408
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
	Endokrines Gewebe	0.0245
55	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0154
60	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0181
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0774
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0741	0.0665	1.1147 0.8971	5
Brust	0.0384	0.0376	1.0208 0.9796	
Duenn darm	0.0307	0.0662	0.4634 2.1579	
Eierstock	0.0389	0.0182	2.1380 0.4677	
Endokrines Gewebe	0.0715	0.0978	0.7315 1.3671	
Gastrointestinal	0.0268	0.0139	1.9328 0.5174	10
Gehirn	0.1878	0.2331	0.8056 1.2413	
Haematopoetisch	0.0241	0.0379	0.6352 1.5743	
Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0761	0.0776	0.9804 1.0200	
Herz	0.0212	0.2474	0.0857 11.6735	
Hoden	0.1496	0.0351	4.2638 0.2345	15
Lunge	0.0229	0.0204	1.1177 0.8947	
Magen-Speiserohre	0.0387	0.0230	1.6807 0.5950	
Muskel-Skelett	0.1370	0.0600	2.2844 0.4378	
Niere	0.0299	0.0274	1.0904 0.9171	
Pankreas	0.0297	0.0166	1.7949 0.5571	20
Penis	0.0569	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0588	0.0447	1.3161 0.7598	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.1525	0.0204	7.4818 0.1337	
Uterus_allgemein	0.0407	0.1908	0.2135 4.6839	25
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0268			
Samenblase	0.2314			
Sinnesorgane	0.0706			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			30
Zervix	0.0745			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0278	35
Gastrointestinal	0.0417	
Gehirn	0.0313	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0260	40
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0181	
Nebenniere	0.0254	
Niere	0.0371	
Placenta	0.0182	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0126	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0816	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.2025	
Endokrines Gewebe	0.0979	
Foetal	0.0361	55
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0032	
Hoden	0.0154	
Lunge	0.0082	60
Nerven	0.0653	
Prostata	0.0137	
Sinnesorgane	0.0542	
Uterus_n	0.0208	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0537	0.5085	1.9666
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0337	0.0496	0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0180	0.0208	0.8634	1.1582
	Endokrines Gewebe	0.0221	0.0276	0.8027	1.2457
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0139	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0214	0.0349	0.6141	1.6284
	Haematopoetisch	0.0374	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
	Herz	0.0477	0.0412	1.1565	0.8647
15	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0229	0.0143	1.5967	0.6263
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0308	0.0360	0.8567	1.1673
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0231	0.0994	0.2327	4.2979
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0610	0.0873	0.6991	1.4305
	Uterus_Endometrium	0.0878	0.2111	0.4161	2.4032
	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0272	3.0862	0.3240
25	Uterus_allgemein	0.0560	0.0954	0.5871	1.7032
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0941			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0583
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0667
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.1497
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1418
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0210
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0648
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0547
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0333

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0819	0.1840	0.4449 2.2476	5
Brust	0.0921	0.0846	1.0888 0.9184	
Duennndarm	0.1380	0.0496	2.7805 0.3596	
Eierstock	0.0419	0.0937	0.4477 2.2336	
Endokrines_Gewebe	0.0613	0.0301	2.0377 0.4907	
Gastrointestinal	0.1092	0.0694	1.5738 0.6354	10
Gehirn	0.0554	0.1910	0.2903 3.4446	
Haematopoetisch	0.1911	0.3030	0.6308 1.5853	
Haut	0.1065	0.2542	0.4188 2.3880	
Hepatisch	0.0523	0.0776	0.6740 1.4836	
Herz	0.0244	0.1649	0.1478 6.7673	15
Hoden	0.0633	0.0819	0.7731 1.2935	
Lunge	0.2846	0.1718	1.6572 0.6034	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.4140	0.0700 14.2797	
Muskel-Skelett	0.2330	0.1020	2.2844 0.4378	
Niere	0.0570	0.1232	0.4626 2.1617	
Pankreas	0.0380	0.2816	0.1349 7.4124	20
Penis	0.0299	0.3466	0.0864 11.5745	
Prostata	0.0676	0.0468	1.4424 0.6933	
Uterus_Endometrium	0.0608	0.1055	0.5761 1.7357	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0204	3.3668 0.2970	
Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0256			
Prostata-Hyperplasie	0.0713			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.1529			
Weisse_Blutkoerperchen	0.2229			30
Zervix	0.0319			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0278	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.1376	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0107	
Lunge	0.0145	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0124	45
Placenta	0.0545	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.4354	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	1.1088	
Endokrines_Gewebe	0.0490	55
Foetal	0.0344	
Gastrointestinal	0.0732	
Haematopoetisch	0.0228	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0077	60
Lunge	0.0655	
Nerven	0.0221	
Prostata	0.0137	
Sinnesorgane	0.1703	
Uterus_n	0.0167	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0077	5.5933	0.1788
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0137	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0136	7.2947	0.1371
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0250

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926	5
Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531	
Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737	10
Endokrines Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0111	0.0133	0.8307	1.2038	
Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	15
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0042	0.0550	0.0771	12.9706	
Hoden	0.0288	0.0351	0.8200	1.2196	
Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	20
Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008	
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991	3.3428	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0153	0.0170	0.8957	1.1165	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0610	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				30
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0194	
Gehirn	0.0063	
Haematopoetisch	0.0079	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	
Lunge	0.0217	
Nebenniere	0.0000	45
Niere	0.0062	
Placenta	0.0242	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0340	50
Eierstock_n	0.1595	
Eierstock_t	0.0658	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0076	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0228	60
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0077	
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0040	
Prostata	0.0205	65
Sinnesorgane	0.0232	
Uterus_n	0.0291	

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0844	1.0170	0.9833
	Brust	0.0972	0.1053	0.9236	1.0828
	Duenn darm	0.0766	0.0496	1.5447	0.6474
	Eierstock	0.1677	0.0676	2.4796	0.4033
	Endokrines Gewebe	0.0528	0.0602	0.8774	1.1398
10	Gastrointestinal	0.0843	0.1573	0.5360	1.8657
	Gehirn	0.0791	0.1171	0.6758	1.4798
	Haematopoetisch	0.1043	0.0758	1.3762	0.7266
	Haut	0.0734	0.0847	0.8664	1.1542
	Hepatisch	0.0285	0.1423	0.2005	4.9866
15	Herz	0.0774	0.0550	1.4070	0.7107
	Hoden	0.0460	0.1286	0.3578	2.7949
	Lunge	0.0582	0.0634	0.9177	1.0896
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0920	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0702	0.1500	0.4683	2.1354
20	Niere	0.0380	0.1232	0.3084	3.2425
	Pankreas	0.0578	0.1988	0.2908	3.4383
	Penis	0.0419	0.0533	0.7862	1.2719
	Prostata	0.1351	0.1277	1.0577	0.9454
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1525	0.0679	2.2445	0.4455
25	Uterus_allgemein	0.1579	0.1908	0.8273	1.2088
	Brust-Hyperplasie	0.0767			
	Prostata-Hyperplasie	0.1367			
	Samenblase	0.1157			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0850			
	Zervix	0.0958			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.1138
	Gehirn	0.1439
	Haematopoetisch	0.0472
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0569
	Lunge	0.0939
	Nebenniere	0.0761
45	Niere	0.1112
	Placenta	0.0667
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0029
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0211
	Prostata	0.0889
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178	5
Brust	0.0230	0.0150	1.5312	0.6531	
Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982	
Eierstock	0.0120	0.0104	1.1513	0.8686	
Endokrines Gewebe	0.0085	0.0201	0.4245	2.3555	
Gastrointestinal	0.0172	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0257	0.2304	4.3405	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0065	2.9412	0.3400	
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0229	0.0286	0.7983	1.2526	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755	
Niere	0.0109	0.0411	0.2643	3.7829	20
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0327	0.0213	1.5354	0.6513	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0416				
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.1119				30
Zervix	0.0319				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0028	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0520	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0217	
Nebenniere	0.1268	
Niere	0.0062	45
Placenta	0.0121	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0251	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0272	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0146	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0030	
Prostata	0.0137	
Sinnesorgane	0.0929	
Uterus_n	0.0250	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.0156	0.0383	0.4068 2.4583	5
Brust	0.0563	0.0226	2.4953 0.4008	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0389	0.0026	14.9663 0.0668	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057 1.1042	
Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779 0.4390	10
Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900 1.4494	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0661	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0170	0.0137	1.2336 0.8107	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0197	0.0102	1.9305 0.5180	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0163	0.0342	0.4758 2.1016	20
Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487 2.2286	
Penis	0.0629	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0501	0.0192	2.6159 0.3823	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0623			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0106			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefuesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0245			55
Foetal	0.0006			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0154			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1418
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0468	0.0690	0.6780	1.4750	5
Brust	0.0153	0.0113	1.3611	0.7347	
Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743	
Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528	2.2083	
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145	10
Gehirn	0.2417	0.1489	1.6236	0.6159	
Haematopoetisch	0.0388	0.0379	1.0234	0.9772	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef	
Herz	0.0710	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.4430	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0686	0.0470	1.4578	0.6859	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833	
Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918	
Niere	0.0299	0.0411	0.7270	1.3756	20
Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857	
Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.1547	0.0596	2.5956	0.3853	
Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.1143	0.0340	3.3668	0.2970	25
Uterus_allgemein	0.0611	0.5725	0.1067	9.3678	
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.1962				
Samenblase	0.2492				
Sinnesorgane	0.0588				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.2768				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0438	
Haematopoetisch	0.0118	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0107	
Lunge	0.0000	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0667	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0126	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0340	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0354	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0041	55
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0057	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0309	
Lunge	0.0328	60
Nerven	0.0512	
Prostata	0.0547	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0128	1.5254	0.6555
	Brust	0.0435	0.0244	1.7798	0.5618
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0140	0.0092	1.5199	0.6579
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0413	0.0137	3.0068	0.3326
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0145	0.0082	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0180	1.2374	0.8082
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0213	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0204	4.1150	0.2430
25	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0247
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.1247
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.2585
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0759
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0163
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0421
60	Hoden	0.0463
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.2168
65	Uterus_n	0.0291

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0546	0.0537	1.0170	0.9833	5
Brust	0.0473	0.0207	2.2890	0.4369	
Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0104	2.0147	0.4964	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0226	0.5283	1.8928	
Gastrointestinal	0.0211	0.0231	0.9112	1.0975	10
Gehirn	0.0067	0.0246	0.2700	3.7039	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600	
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	15
Lunge	0.0343	0.0020	16.7651	0.0596	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0206	0.0420	0.4895	2.0428	
Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305	
Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686	20
Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517	
Prostata	0.0458	0.0426	1.0748	0.9304	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.1908	0.0801	12.4905	25
Brust-Hyperplasie	0.0192				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0720				30
Zervix	0.0319				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0139	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0118	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0181	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0061	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0502	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0748	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0253	
Endokrines_Gewebe	0.0735	55
Foetal	0.0012	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0171	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0000	
Nerven	0.0060	
Prostata	0.0274	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0083	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0217	0.0226	0.9641	1.0373
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0338	0.3542	2.8230
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0150	1.8113	0.5521
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0046	4.1417	0.2414
	Gehirn	0.0155	0.0216	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0107	0.0758	0.1412	7.0845
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
15	Herz	0.0138	0.0275	0.5011	1.9955
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0364	0.0143	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.0537	1.0805	0.9255
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0180	1.0470	0.9551
20	Niere	0.0217	0.0411	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487	2.2286
	Penis	0.0120	0.0533	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0349	0.0213	1.6378	0.6106
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
25	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0260			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0325
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0618
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0239
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden	0.0386
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0387
65	Uterus_n	0.0042

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0179	0.4358	2.2944	5
Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265	
Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487	
Eierstock	0.0060	0.0130	0.4605	2.1715	
Endokrines Gewebe	0.0221	0.0201	1.1038	0.9060	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348	10
Gehirn	0.0185	0.0267	0.6923	1.4445	
Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
Herz	0.0117	0.0137	0.8481	1.1791	15
Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652	
Lunge	0.0052	0.0164	0.3175	3.1494	
Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0120	1.4278	0.7004	
Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219	20
Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0119				
Samenblase	0.0178				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061				30
Zervix	0.0106				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0139	35
Gastrointestinal	0.0111	
Gehirn	0.0125	
Haematopoetisch	0.0236	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0534	
Lunge	0.0145	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0364	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0557	
Endokrines_Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0105	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0077	60
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0080	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0000	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0128	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0150	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0234	0.8954	1.1168
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0231	0.1657	6.0362
	Gehirn	0.0126	0.0175	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
15	Hoden	0.0288	0.0351	0.8200	1.2196
	Lunge	0.0125	0.0041	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393	4.1785
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0068	11.2227	0.0891
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0197
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0506
55	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0292
60	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0083

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0312	0.0179	1.7434	0.5736	5
Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429	
Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0078	1.5350	0.6515	10
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0050	3.3962	0.2944	
Gastrointestinal	0.0134	0.0278	0.4832	2.0695	
Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362	
Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483	15
Haut	0.0220	0.0847	0.2599	3.8473	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef	
Herz	0.0117	0.0412	0.2827	3.5374	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326	
Lunge	0.0052	0.0102	0.5080	1.9684	20
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714	25
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000	30
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0064				
Prostata-Hyperplasie	0.0149				
Samenblase	0.0089				35
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0147				
Zervix	0.0319				40
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				45
Gastrointestinal	0.0139				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefuesse	0.0036				
Lunge	0.0000				55
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0182				
Prostata	0.0748				60
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				50
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0810				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0488				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				60
Hoden	0.0309				
Lunge	0.0164				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				65
Uterus_n	0.0125				

DE 198 17.946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0383	0.9153	1.0926
	Brust	0.0499	0.1165	0.4281	2.3360
	Duennndarm	0.0491	0.0331	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0629	0.0728	0.8634	1.1582
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0100	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0383	0.1110	0.3451	2.8974
	Gehirn	0.0347	0.0339	1.0254	0.9752
	Haematopoetisch	0.0401	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0847	0.3899	2.5649
	Hepatisch	0.0381	0.0453	0.8403	1.1900
15	Herz	0.0254	0.0550	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0748	0.1052	0.7106	1.4072
	Lunge	0.0384	0.0613	0.6266	1.5960
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.0613	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0531	0.0360	1.4753	0.6778
20	Niere	0.0299	0.0753	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0083	0.0828	0.0997	10.0285
	Penis	0.0240	0.1066	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0392	0.0298	1.3161	0.7598
	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0068	13.4672	0.0743
25	Uterus_allgemein	0.0917	0.0954	0.9607	1.0409
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0823			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0616			
	Zervix	0.0852			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0197
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.1114
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0134
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0167

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0179	1.5254	0.6555	5
Brust	0.0153	0.0075	2.0416	0.4898	
Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723	
Endokrines Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778	
Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365	10
Gehirn	0.0096	0.0113	0.8509	1.1753	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600	
Herz	0.0085	0.0137	0.6168	1.6213	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374	
Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008	
Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0089				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052				30
Zervix	0.0426				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0139				
Gastrointestinal	0.0139				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0071				
Lunge	0.0072				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0062				
Placenta	0.0061				45
Prostata	0.0249				
Sinnesorgane	0.0251				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.1224				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0759				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0058				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0154				60
Lunge	0.0082				
Nerven	0.0120				
Prostata	0.0205				
Sinnesorgane	0.0155				
Uterus_n	0.0333				65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0077	5.5933	0.1788
	Brust	0.0217	0.0432	0.5030	1.9881
	Duenn darm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0419	0.0208	2.0147	0.4964
	Endokrines Gewebe	0.0307	0.0276	1.1115	0.8997
	Gastrointestinal	0.0345	0.0370	0.9319	1.0731
10	Gehirn	0.0192	0.0257	0.7488	1.3355
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0129	3.3088	0.3022
	Herz	0.0223	0.0137	1.6190	0.6176
15	Hoden	0.0173	0.0351	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0374	0.0348	1.0758	0.9295
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0540	0.5076	1.9699
	Niere	0.0353	0.0068	5.1548	0.1940
20	Pankreas	0.0215	0.0166	1.2963	0.7714
	Penis	0.0509	0.0533	0.9547	1.0475
	Prostata	0.0262	0.0277	0.9449	1.0583
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0136	3.9279	0.2546
25	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0472
	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0118
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0780
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0494
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0171
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0464
65	Uterus_n	0.0458

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.4367	0.1227	3.5594	0.2809	5
Brust	0.0256	0.0320	0.8006	1.2490	
Duennndarm	0.1104	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0569	0.0260	2.1874	0.4572	10
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722	
Gastrointestinal	0.1150	0.0139	8.2834	0.1207	
Gehirn	0.0074	0.0216	0.3428	2.9168	15
Haematopoetisch	0.0267	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0285	0.0518	0.5515	1.8133	20
Herz	0.0763	0.0412	1.8503	0.5404	
Hoden	0.0748	0.0117	6.3957	0.1564	
Lunge	0.0416	0.0245	1.6934	0.5905	25
Magen-Speiserohre	0.1546	0.0690	2.2409	0.4462	
Muskel-Skelett	0.0240	0.0360	0.6663	1.5009	
Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610	30
Pankreas	0.0017	0.1657	0.0100	100.2850	
Penis	0.2605	0.0800	3.2571	0.3070	
Prostata	0.1242	0.1256	0.9889	1.0112	35
Uterus_Endometrium	0.2838	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.3201	0.1087	2.9459	0.3394	
Uterus_allgemein	0.2292	0.0000	undef	0.0000	40
Brust-Hyperplasie	0.0288				
Prostata-Hyperplasie	0.0951				
Samenblase	0.3382				45
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0295				
Zervix	0.1278				50

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0805	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0275	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0071	45
Lunge	0.0361	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0309	50
Placenta	0.0000	
Prostata	0.0499	
Sinnesorgane	0.0000	55

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0272	55
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0304	
Endokrines_Gewebe	0.0000	60
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0854	
Haematopoetisch	0.0228	65
Haut-Muskel	0.0097	
Hoden	0.0077	
Lunge	0.0491	70
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0410	
Sinnesorgane	0.0000	75
Uterus_n	0.1582	

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296
	Brust	0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934	2.0268
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0074	0.0154	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.0613	0.8263	1.2102	5
Brust	0.0294	0.0395	0.7453	1.3417	
Duenn darm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487	
Eierstock	0.0479	0.0468	1.0233	0.9772	
Endokrines Gewebe	0.0477	0.0301	1.5849	0.6309	
Gastrointestinal	0.0268	0.0740	0.3624	2.7594	10
Gehirn	0.0281	0.0534	0.5261	1.9007	
Haematopoetisch	0.0227	0.0379	0.5999	1.6669	
Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238	0.0323	0.7353	1.3600	
Herz	0.0435	0.0275	1.5805	0.6327	15
Hoden	0.0230	0.1637	0.1406	7.1142	
Lunge	0.0623	0.0716	0.8709	1.1482	
Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017	
Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363	20
Pankreas	0.0215	0.0884	0.2431	4.1143	
Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259	
Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713	25
Uterus_allgemein	0.0306	0.6679	0.0457	21.8583	
Brust-Hyperplasie	0.0128				
Prostata-Hyperplasie	0.0268				
Samenblase	0.1513				
Sinnesorgane	0.1176				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0121				30
Zervix	0.0213				
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0278				
Gastrointestinal	0.0528				
Gehirn	0.0188				
Haematopoetisch	0.0315				
Haut	0.2513				40
Hepatisch	0.0260				
Herz-Blutgefuesse	0.0462				
Lunge	0.0542				
Nebenniere	0.0254				
Niere	0.0927				45
Placenta	0.0242				
Prostata	0.0499				
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0272				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0608				
Endokrines_Gewebe	0.0490				55
Foetal	0.0163				
Gastrointestinal	0.0122				
Haematopoetisch	0.0114				
Haut-Muskel	0.0292				
Hoden	0.0077				60
Lunge	0.0410				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0410				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0083				65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0256	0.4576	2.1852
	Brust	0.0205	0.0132	1.5555	0.6429
	Duennndarm	0.0337	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0100	0.5094	1.9630
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074	0.0154	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0241	0.0379	0.6352	1.5743
	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0244	0.0825	0.2955	3.3836
15	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0478	0.0307	1.5580	0.6419
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.1233	0.0120	10.2798	0.0973
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
20	Pankreas	0.0066	0.0497	0.1330	7.5214
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0064	3.4121	0.2931
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0356			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0139
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0268
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0162
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0975	0.0256	3.8136	0.2622	5
Brust	0.0090	0.0263	0.3403	2.9389	
Duennndarm	0.0491	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0062	0.0000	undef	
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0291	0.0164	1.7781	0.5624	
Magen-Speiserohre	0.0773	0.0153	5.0421	0.1983	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0297				
Samenblase	0.0356				
Sinnesorgane	0.0470				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0213				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0083	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0000	
Lunge	0.0036	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	45
Placenta	0.0061	
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0136	
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0051	
Endokrines Gewebe	0.0000	55
Foetal	0.0017	
Gastrointestinal	0.0122	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0000	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0082	
Nerven	0.0010	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0083	65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
55	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000
65		

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347	
Duenddarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706	15
Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937	
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.0222	
Gehirn	0.0000	
Haematopoetisch	0.0079	
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0000	40
Herz-Blutgefuesse	0.0036	
Lunge	0.0072	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0000	
Placenta	0.0121	45
Prostata	0.0000	
Sinnesorgane	0.0126	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0204	50
Eierstock_n	0.0000	
Eierstock_t	0.0456	
Endokrines_Gewebe	0.0000	
Foetal	0.0058	55
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0114	
Haut-Muskel	0.0065	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0000	60
Nerven	0.0020	
Prostata	0.0068	
Sinnesorgane	0.0232	
Uterus_n	0.0208	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0546	0.1074	0.5085 1.9666
	Brust	0.0563	0.0470	1.1977 0.8349
	Duenndarm	0.1380	0.0331	4.1708 0.2398
	Eierstock	0.0539	0.0650	0.8289 1.2064
	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0351	0.6792 1.4722
10	Gastrointestinal	0.1322	0.1758	0.7520 1.3297
	Gehirn	0.0229	0.0452	0.5072 1.9714
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.1652	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0518	0.5515 1.8133
15	Herz	0.1166	0.1649	0.7067 1.4150
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839 1.0163
	Lunge	0.1049	0.1329	0.7894 1.2668
	Magen-Speiserohre	0.1353	0.0613	2.2059 0.4533
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0240	2.8555 0.3502
20	Niere	0.0570	0.0753	0.7570 1.3210
	Pankreas	0.0165	0.1491	0.1108 9.0256
	Penis	0.0749	0.0267	2.8079 0.3561
	Prostata	0.0610	0.0234	2.6056 0.3838
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0991	0.0340	2.9179 0.3427
25	Uterus_allgemein	0.0509	0.1908	0.2669 3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0386		
	Samenblase	0.0801		
	Sinnesorgane	0.0588		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0616		
	Zervix	0.1810		

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0275
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0058
	Gastrointestinal	0.0976
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
60	Hoden	0.0309
	Lunge	0.1802
	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0125

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N	
Blase	0.0663		0.0792		0.8365	1.1954	5
Brust	0.0780		0.1259		0.6196	1.6140	
Duennndarm	0.0675		0.0000		undef	0.0000	
Eierstock	0.0449		0.0260		1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0664		0.0853		0.7791	1.2835	
Gastrointestinal	0.0805		0.0370		2.1744	0.4599	10
Gehirn	0.0407		0.0924		0.4400	2.2729	
Haematopoetisch	0.0495		0.0000		undef	0.0000	
Haut	0.0734		0.0000		undef	0.0000	
Hepatisch	0.0238		0.1165		0.2042	4.8960	
Herz	0.0445		0.0687		0.6476	1.5441	15
Hoden	0.0403		0.0585		0.6888	1.4519	
Lunge	0.1184		0.1329		0.8910	1.1223	
Magen-Speiserohre	0.0580		0.0997		0.5818	1.7188	
Muskel-Skelett	0.0634		0.0660		0.9605	1.0411	
Niere	0.0679		0.2396		0.2832	3.5307	20
Pankreas	0.0182		0.0939		0.1936	5.1662	
Penis	0.0180		0.1333		0.1348	7.4196	
Prostata	0.0501		0.0681		0.7357	1.3592	
Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0610		0.0068		8.9781	0.1114	
Uterus_allgemein	0.0255		0.0000		undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0224						
Prostata-Hyperplasie	0.0327						
Samenblase	0.0979						
Sinnesorgane	0.0706						
Weisse_Blutkoerperchen	0.1665						30
Zervix	0.0106						
FOETUS							
	%Haeufigkeit						
Entwicklung	0.0000						35
Gastrointestinal	0.0250						
Gehirn	0.0000						
Haematopoetisch	0.0079						
Haut	0.0000						40
Hepatisch	0.0520						
Herz-Blutgefuesse	0.0107						
Lunge	0.0253						
Nebenniere	0.0254						
Niere	0.0247						
Placenta	0.0121						45
Prostata	0.0249						
Sinnesorgane	0.0000						
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
Brust	0.0476						50
Eierstock_n	0.0000						
Eierstock_t	0.0608						
Endokrines_Gewebe	0.0490						55
Foetal	0.0204						
Gastrointestinal	0.0366						
Haematopoetisch	0.0000						
Haut-Muskel	0.0097						
Hoden	0.0000						60
Lunge	0.1392						
Nerven	0.0171						
Prostata	0.0274						
Sinnesorgane	0.0619						
Uterus_n	0.0250						65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0156	0.0409	0.3814	2.6222
	Brust	0.0243	0.0376	0.6465	1.5468
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0210	0.0286	0.7326	1.3650
	Endokrines Gewebe	0.0273	0.0376	0.7245	1.3802
10	Gastrointestinal	0.0326	0.0370	0.8801	1.1362
	Gehirn	0.0207	0.0534	0.3877	2.5795
	Haematopoetisch	0.0267	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
	Herz	0.0551	0.0275	2.0045	0.4989
15	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0436	0.0552	0.7903	1.2654
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587
	Muskel-Skelett	0.0257	0.0660	0.3894	2.5681
	Niere	0.0136	0.0342	0.3965	2.5219
20	Pankreas	0.0099	0.0276	0.3590	2.7857
	Penis	0.0210	0.0267	0.7862	1.2719
	Prostata	0.0327	0.0319	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0136	3.9279	0.2546
25	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.1068			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0486			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0417
	Gastrointestinal	0.0333
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0393
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
45	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0658
55	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0204
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0454
	Hoden	0.0000
60	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
65	Uterus_n	0.0042

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0507	0.0716	0.7082	1.4119	5
Brust	0.0895	0.0827	1.0827	0.9237	
Duennndarm	0.0583	0.0331	1.7610	0.5679	
Eierstock	0.1587	0.1509	1.0520	0.9506	
Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0677	0.8553	1.1691	
Gastrointestinal	0.0747	0.1619	0.4615	2.1668	10
Gehirn	0.0377	0.0791	0.4769	2.0971	
Haematopoetisch	0.0762	0.0758	1.0057	0.9943	
Haut	0.0477	0.4237	0.1126	8.8784	
Hepatisch	0.0190	0.0841	0.2262	4.4200	
Herz	0.0689	0.0550	1.2528	0.7982	15
Hoden	0.0288	0.2105	0.1367	7.3174	
Lunge	0.0499	0.1063	0.4690	2.1324	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833	
Muskel-Skelett	0.0343	0.0960	0.3569	2.8016	
Niere	0.0652	0.1164	0.5598	1.7864	20
Pankreas	0.0463	0.0718	0.6443	1.5520	
Penis	0.0749	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0894	0.0958	0.9326	1.0722	
Uterus_Endometrium	0.0743	0.1055	0.7042	1.4201	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.1290	0.5316	1.8811	25
Uterus_allgemein	0.1273	0.3817	0.3336	2.9977	
Brust-Hyperplasie	0.0863				
Prostata-Hyperplasie	0.1338				
Samenblase	0.1691				
Sinnesorgane	0.0353				30
Weisse_Blutkoerperchen	0.0451				
Zervix	0.0532				

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0835	35
Gastrointestinal	0.1000	
Gehirn	0.1001	
Haematopoetisch	0.0433	
Haut	0.0000	40
Hepatisch	0.0000	
Herz-Blutgefuesse	0.0569	
Lunge	0.0903	
Nebenniere	0.0000	
Niere	0.0865	45
Placenta	0.0364	
Prostata	0.1247	
Sinnesorgane	0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0068	
Eierstock_n	0.3190	
Eierstock_t	0.0152	
Endokrines_Gewebe	0.0490	55
Foetal	0.0099	
Gastrointestinal	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	
Haut-Muskel	0.0227	
Hoden	0.0000	60
Lunge	0.0164	
Nerven	0.0100	
Prostata	0.0274	
Sinnesorgane	0.0000	
Uterus_n	0.0042	65

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60.

QUERY: utn_1572013_13.fasta.ext

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1638	0.0486	3.3720	0.2966
	Brust	0.2149	0.1015	2.1172	0.4723
	Duenn darm	0.0705	0.0331	2.1317	0.4691
10	Eierstock	0.2306	0.0416	5.5404	0.1805
	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0251	3.1925	0.3132
	Gastrointestinal	0.0881	0.1110	0.7938	1.2597
	Gehirn	0.0606	0.0472	1.2834	0.7792
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
15	Haut	0.2166	0.0847	2.5559	0.3913
	Hepatisch	0.0666	0.0259	2.5735	0.3886
	Herz	0.1293	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0920	0.0468	1.9679	0.5082
	Lunge	0.1226	0.0593	2.0672	0.4838
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0920	0.5252	1.9040
20	Muskel-Skelett	0.2073	0.2700	0.7678	1.3024
	Niere	0.1032	0.0068	15.0677	0.0664
	Pankreas	0.0281	0.0663	0.4238	2.3596
	Penis	0.1377	0.0267	5.1665	0.1936
	Prostata	0.0479	0.0277	1.7323	0.5773
25	Uterus_Endometrium	0.0878	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1906	0.1494	1.2753	0.7841
	Uterus_allgemein	0.3310	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.2782			
	Prostata-Hyperplasie	0.0981			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.1491			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.2783			
	Gastrointestinal	0.0833			
40	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0889			
	Lunge	0.1012			
45	Nebenniere	0.1268			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.2969			
	Prostata	0.1496			
	Sinnesorgane	0.0502			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
55	Eierstock_n	0.7974			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0641			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
	Prostata	0.0137			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

DE 198 17 946 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

QUERY: uen_2932156_37.fasta.txt

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
Blase	0.2613	0.2147	1.2167 0.8219	5
Brust	0.2085	0.1767	1.1801 0.8474	
Duenn darm	0.1349	0.2150	0.6274 1.5939	
Eierstock	0.1587	0.1405	1.1299 0.8850	10
Endokrines_Gewebe	0.2146	0.1204	1.7830 0.5608	
Gastrointestinal	0.2088	0.1573	1.3278 0.7531	
Gehirn	0.1974	0.1776	1.1112 0.9000	
Haematopoetisch	0.1003	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0514	0.0000	undef 0.0000	15
Hepatisch	0.0714	0.0906	0.7878 1.2693	
Herz	0.2173	0.3574	0.6079 1.6450	
Hoden	0.0805	0.1169	0.6888 1.4519	
Lunge	0.1195	0.2433	0.4910 2.0368	
Magen-Speiseroehre	0.1643	0.1150	1.4286 0.7000	20
Muskel-Skelett	0.1422	0.2400	0.5925 1.6877	
Niere	0.1385	0.2396	0.5778 1.7307	
Pankreas	0.1487	0.1767	0.8414 1.1886	
Penis	0.1347	0.0267	5.0542 0.1979	
Prostata	0.1831	0.2385	0.7677 1.3026	
Uterus_Endometrium	0.2973	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.2134	0.1630	1.3093 0.7638	
Uterus_allgemein	0.2037	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.2430			
Prostata-Hyperplasie	0.1486			
Samenblase	0.1958			30
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.2315			
Zervix	0.0745			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
Entwicklung	0.0000	35
Gastrointestinal	0.1250	
Gehirn	0.0751	
Haematopoetisch	0.1022	40
Haut	0.0000	
Hepatisch	0.0520	
Herz-Blutgefuesse	0.1174	
Lunge	0.1806	
Nebenniere	0.0761	45
Niere	0.1915	
Placenta	0.2666	
Prostata	0.0499	
Sinnesorgane	0.0251	50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
Brust	0.0000	
Eierstock_n	0.4785	55
Eierstock_t	0.0456	
Endokrines_Gewebe	0.0979	
Foetal	0.0128	
Gastrointestinal	0.0610	
Haematopoetisch	0.0228	60
Haut-Muskel	0.0130	
Hoden	0.0000	
Lunge	0.0901	
Nerven	0.0592	
Prostata	0.3146	
Sinnesorgane	0.0232	65
Uterus_n	0.0375	

QUERY: uen_3751007_1.fasta.ext

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.1131	0.1534	0.7373	1.3563
	Brust	0.1215	0.1165	1.0427	0.9590
	Duenn darm	0.1594	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.2935	0.1405	2.0893	0.4786
10	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0928	0.8628	1.1590
	Gastrointestinal	0.1379	0.1897	0.7273	1.3749
	Gehirn	0.0495	0.1540	0.3216	3.1096
	Haematopoetisch	0.1417	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0991	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0333	0.2006	0.1660	6.0228
	Herz	0.1304	0.1237	1.0537	0.9491
	Hoden	0.0805	0.1520	0.5298	1.8874
	Lunge	0.0800	0.1615	0.4952	2.0195
	Magen-Speiseroehre	0.0966	0.1303	0.7415	1.3486
20	Muskel-Skelett	0.0651	0.0540	1.2057	0.8294
	Niere	0.0462	0.1643	0.2809	3.5604
	Pankreas	0.0892	0.1325	0.6731	1.4857
	Penis	0.1497	0.0800	1.8719	0.5342
	Prostata	0.1286	0.1022	1.2582	0.7948
25	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1677	0.1698	0.9876	1.0126
	Uterus_allgemein	0.1222	0.0954	1.2810	0.7807
	Brust-Hyperplasie	0.1599			
	Prostata-Hyperplasie	0.2348			
30	Samenblase	0.3738			
	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0642			
	Zervix	0.0852			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.2388			
	Gehirn	0.2377			
40	Haematopoetisch	0.1140			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0996			
	Lunge	0.2348			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.1668			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.1995			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.1025			
60	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0615			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23, 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz O aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz O wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, O in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusnormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORFs) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Normalgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	94.28	Chicken mRNA for leucine zipper protein	141	1780	
2	95.07	unbekannt	224	1637	D5S470-D5S410
3	97.68	unbekannt	214	619	
4	95.07	Brachydanio rerio growth-associated protein	198	422	
5	97.68	unbekannt	198	1194	
6	95.07	unbekannt	227	231	
7	97.68	unbekannt	230	1776	DXS1201-DXS1039
8	92.05	unbekannt	226	1242	D19S224-D19S421
9	95.07	unbekannt	165	553	D1S305-D1S2635
10	95.07	3 Human PAC clone DJ515N1 from 22q11.2-q22	215	1246	
11	97.68	Rattus norvegicus 71 kDa component of rsec6/8 secretory complex p71	245	1721	22q11.2-q22
12	95.07	unbekannt	125	1074	
13	95.07	unbekannt	194	194	D1S305-D1S2635
14	95.07	unbekannt	218	218	
15	97.68	S.pombe chromosome I cosmid c1B3	203	746	D8S1836-qTel
16	95.07	Human angiopoietin-1 Homolog	233	2784	D9S282-D9S260
17	95.07	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87	230	806	DXS366 and DXS87
18	99.99	S.cerevisiae chromosome XVI, left arm DNA; P2610	302	1534	
19	95.07	unbekannt	287	807	
20	97.44	unbekannt	295	3389	D4S1580-D4S427
21	98.91	H.sapiens gene for spermidine/spermine N1-acetyltransferase	222	1919	
22	96.97	Human MHC protein homologous to chicken B complex protein	238	280	
23	95.07	Human 1-8U gene	300	451	
24	97.68	Human BTG1	280	1011	
25	95.07	H.sapiens mRNA for HLA-E heavy chain	178	302	
26	91.41	Human ADP-ribosylation factor 1	257	1931	
27	94.28	Human gas1	243	1464	
28	97.68	Human cellular oncogene c-fos	180	2103	
29	99.99	Human apolipoprotein J	121	975	
30	93.33	Human high density lipoprotein binding protein (HBP)	212	3061	
31	92.05	Human gene for class II invariant gamma-chain	199	1193	
32	99.71	H.sapiens gene encoding ketohexokinase	221	2592	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Normalgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
33	99.76	Human 80K-H protein (kinase C substrate)	196	884	
34	95.74	Human Insulinoma Gene	192	493	
35	97.68	H.sapiens CL 100 mRNA for protein tyrosine phosphatase	216	913	
36	97.68	Human alternatively spliced CUTL1	221	1917	
37	98.91	Human apM2 mRNA for GS2374	217	518	
38	95.07	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homolog	217	634	
39	98.64	Human prostaglandin D synthase	186	879	
40	97.14	Human breast epithelial antigen BA46	209	2015	
41	95.07	Human mRNA for early growth response protein 1 (hEGR1)	169	732	
42	94.28	Human GTP-binding protein (rhoA)	195	691	
43	98.91	Human triosephosphate isomerase mRNA	192	579	
44	99.57	Human mRNA for phosphatase casein kinase II beta subunit	220	968	
45	97.68	Homo sapiens differentiation-dependent A4 protein	223	1175	
46	99.89	Human interferon-inducible protein 9-27	250	851	
47	98.91	Human c-jun proto oncogene	146	1049	
48	90.63	Human mRNA for DNA binding protein TAXREB67	282	1375	
49	99.99	Human mRNA for actin-binding protein (filamin)	273	2443	
50	95.07	H.sapiens mRNA for supt5h	209	2693	
51	91.41	Human mRNA for anionic glutathione-S-transferase (GST-pi-1)	310	877	
52	98.91	Human CAPL protein	299	548	
53	99.89	beta-tryptase	275	1221	
54	97.68	lymphocyte-specific protein 1=47 kda actin binding protein	252	252	
55	97.68	Human protein kinase C substrate 80K-H (PRKCSH)	176	733	
56	96.44	Human calcyclin gene	257	720	
57	98.41	Human cathepsin D	301	2124	
58	90.63	DNA sequence coding for human glutathione peroxidase	294	928	
59	94.31	Human Csa-19	297	297	
60	92.05	Human chondroitin/dermatan sulfate proteoglycan core protein	195	1837	
61	99.22	Human heart mRNA for heat shock protein 90	266	1346	
62	93.38	H.sapiens BBC1	111	251	

	DNA-Sequenz Seq. ID. NO	Peptid-Sequenzen (ORF's Seq. ID. NO)
5	1	63
		64
	2	65
		66
		67
10	3	68
		69
		70
		71
	4	72
15		73
		74
	5	75
		76
		77
20	6	78
		79
		80
	7	81
		82
25	8	83
		84
		85
	9	86
		87
30		88
	10	89
		90
		91
	11	92
35		93
		94
	12	95
		96
	13	97
40		98
		99
	14	100
		101
		102
45	15	103
		104
		105
	16	106
		107
50	17	108
		109
	18	110
		111
	19	112
55		113
		114
	20	115
		116
60		117

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-62 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 63-117 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(I) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus

Uterusnormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 117

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

45  tcccccccg gggcaacccc cccatcgggc ccccaaagcg ctgggggttac agccttaagc 60
    caccaagccc cggccgacct tcttctatct tccattctc ctttccaaag ccatggccat 120
    gcgctcctgt gtacagggtc ataaacacat cagtgtgcc tccctcacat gcatgtcgtt 180
    ccccaccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcg tctctggga ccctctgcag 240
    atacagcctg tgctggaccc ccagccaggg tgagggtca ttctgctctg tcttccccac 300
50  tgcctcagtt tccccaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatgggg 360
    gcaaggatcc cctttaggat tcaatcttct ctctttgggc agttttggct ttgagtcgcc 420
    cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtggagcg aatgacagca gctgggtggg 480
    tgggtgtggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttctctggag 540
    tgtggggagg ggggcgtgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
55  aatgcgaaag aggaagttcg gaaggagcga ggaatggggt ggggtggcagc gggggccgct 660
    cagttgctgt cgtctttgtc caccagcacg gcgtccgact cctcgggtgat ctccagcagc 720
    gcgtgcacgt cggggctgct cccgcgcgcg aggtgcgcgc cctccccccg ctccgcccac 780
    ctccaccatc tcggtggcct tgagcacttc cacctggccc tcgcggatct tcttgacgtg 840
60  gaagggtgaag ggtggcacct tgtagaccgc ggtcttggag cgcgcgtaca ccacgtggtc 900
    gggcgtgaag gatttgcgca acttgtcccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
    gggcaccagg cgcgtgccca gcttgttcat gcgcttctcc aggggtgtgc gcgtcttctc 1020
    cagggttttc ttggtcttga ggcgcgtctt ctccagggtt tcgcgggtac gcaccttggg 1080
    cttctccatc ttctccttgg agaaggcctt cttgaagtgc tccacgcgcc gcaggccctg 1140
65  cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataacctcct caacctccac cgcctcgtcc 1200
    gacgaaagct ccagcgcgcg tgctcctcc tcgggcgcgt cgccctcgcc cagctcctcg 1260
    cctccttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagcgatt tgctgatgct cagtttggcc 1320

```


ggcagcttca cttcaccctg gtagatcatg actttaaagt tggggcgccg caagcagctcg1380
 gcctcggtga cctccagctt cttgatctgc cccgcctggc gctccaggct gccgcgcacg1440
 gtcttcacgt tgaagctgac cttgcgcacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc1500
 gtggtggcgt ggccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgccc1560
 tccatctccg cctgccgctc ctccagctgt gcttgagtca gctggatctg gtctacggcc1620
 ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcagccgt tcacctggc cgacttgatc1680
 agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgctgcct gagccccagc ggaggaagct1740
 ccggggcctc ggcgatcggg gtaccggggc aagcggccgc 1780

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1637 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
 gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
 tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
 atccctctg gagggaaagag gcaggaaaat tctcccccgg tccctgtcat gctactttct 240
 ccatcccaagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
 gtgatttccc ttaggccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccctc tgggcccatt 360
 catggcaggt tctgggtca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
 gactttacct gattgccctc agtttgggtg tgcttattgg gaaagagaga gacaaagagt 480
 tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
 gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctctccagc cttgaaatgc attccatgat 600
 attaggaagt cgggggtggg tgggtggtgg gggctagttg ggtttgaatt tagggggccg 660
 tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttagggtctg cctgtatttc tgggtcccctt 720
 ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatctcg tgcccagaaa 780
 agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgccctgg 840
 gccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttgggtggc 900
 tgtgattcag gtccccagg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtatgttcca 960
 gagttggctg gtagagcctt cttagaggttc agaataattag cttcaggatc agctgggggt1020
 atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg1080
 tgagggacag tttgggtttg ggacttgacc ggggtgatgt agatctggaa cccccaagtg1140
 aggtcggagg gagttaaggt cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg1200
 aaagagtgc cttagagggc tccttgggcc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga1260
 gaaggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgctg1320
 ctgggtccct tgtagcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca1380
 tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccagagg1440
 actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccagg ccagcgccctg gctgttctct1500

cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaacccac tagagactgc ctgtgtcctg1560
 cctcttgccct cttgtagaat gcagctctgg cctcaataa atgcttcctg cattcatctg1620
 caaaaaaaaa aattttc 1637

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 619 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

cggtcgcagg tgccctggg aacccccaga atcagagcct cccatgcccg tcggtgaccc 60
 cccagagaag aggggggggc tgtacctcac agtccccag tgcctcttg agaaaccagg120
 gtccccctca gccacccctg cccagggggg tgggtcagat gaccccggt agtcgggggc180
 ttggtgccgc ccacggcttt ggccctgggg tctgggggcc ccgctggggg ggaggcccag240
 gcagaaccct gcatggaccc tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaagg ccggggagga300
 tgacggccca ggccctggtt ctctgccag cgaagaggag tagctgccg gccccacgag360
 cctccatccg ttctggttcg ggttctccg agttttgcta ccagccgagg ctgtgcgggc420
 aactgggtca gctcccgtc aggagagaag ccgctctgt gggacgaaga ccgggcaccc480
 gccagagagg ggaaggtacc aggttgcgtc ctttcaggcc ccgcttgtt acaggacact540
 cgctgggggc cctgtgccct tgccggcggc aggttgcagc caccgcggcc caatgtcac600
 ttcccagaag cgtcctgtg 619

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 422 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

10

tcgtccaaaa catccggtat cccccaagc cccagaccac cctccgctgc tttgccctg 60
 ggaacaccga ggccctggac ttggtggaga tctacctctg gaagctggta aaagatgagg 120
 aaactgaggc tcagagaggt gaagtacctg gcccaaggcc acacagccag aatcttcac 180
 ttgactcaga tcaagaaagt caggaagcaa gacttcaga aagaggcaca gcacttcga 240
 ctgctcgtg gcccccacga aggtcactgg aacgtcttcc tagcccagac cctggagctg 300
 aaggtcacgg ccagtcaga caaagtgacc aagacataac aaagacctaa cagttgcaga 360
 tatgagctgt ataattgtt ttattatata ttaataaata agaagttgca ttaccctcaa 420
 aa 422

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1194 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

cggctcgagg tgcccctggg aacccccaga atcagagcct cccatgcccg tcggtgaccc 60
 cccagagaag aggcgggggc tgtacctcac agtccccag tgcctctgg agaaaccagg 120
 gtccccctca gccaccctg cccagggggg tgggtcagat gaccccggt agctcggggc 180
 ttggtgccgc ccacggcttt ggccctggg tctgggggcc ccgctggggt ggaggcccag 240
 gcagaaccct gcatggaccc tgacttgggt cccgtcgtga gcagaaaggc ccggggagga 300
 tgacggccca ggccctggtt ctctgccag cgaagaggag tagctgccg gccccacgag 360
 cctccatccg ttctggttcg ggtttctccg agttttgcta ccagccgagg ctgtgcgggc 420
 aactgggtca gcctcccgtc aggagagaag ccgcgtctgt gggacgaaga ccgggcaccc 480
 gccagagagg ggaaggtacc aggttgcgtc ctttcaggcc ccggttgtt acaggacact 540
 cgtgggggc cctgtgccct tgccggcggc aggttgacgc caccgcggcc caatgtcacc 600
 ttcactcaca gtctgagttc ttgtccgct gtcacgccct caccaccctc cccttcacg 660
 caccaccctt tccgttccgc tcgggccttc ccagaagcgt cctgtgactc tgggagaggt 720
 gacacctcac taaggggccc accccatgga gtaacgcgc cggcccgat gcgaatcagg 780
 cctccctac atctgggggc gttggcgcg agattcccat tgacacctt gtttcgtgtg 840

55

60

65

cttttaaatt cagggttaaatt gttgcaataa tctgatgcag aaqactcagc ttctcaaggg 900
 agagggaggg ggcggacgga ataaatagta acttatTTaa gaaatgcact tggattcctg 960
 ccatacgtca gggcggggga agggagtacc atccgcagat ggggtgcagca ggcacttggc1020
 5 cagcaggaca caggagacta gcagaaggaa gaggccgggg aggaagaagc cagccaggag1080
 ggggagcctg gggtagccag actctgagcc ccctgatgcg gtgatgtggc ggcggatccall140
 gttcacgtag gcaggacac gagtgtagac tccccgcct gttggggcgg tcgc 1194

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 231 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

gcctgatgag agccacttgg gtttaagaaac tacctgtgaa tagtcatcat ttctgtcctt 60
 cattggggaa tacttttaga ggccagtttc caaaaattct gcttaaaaaa gaattctgggt120
 tttgtottac tcttccagat gagatatac agaggcttgg gcctagattg tcatcagcat180
 actgctatac tattcgtttg ttcttattaa gccttattgt gtgtaatgct g 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1776 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

cggcaggcag ccattcttgc tggagcctga gaaagggagg agagacagaa ggaaccggcg 60
acagtggctc cagggccgct cggggggggc tcaagaaccg gaggcagccc cggaggctgc 120
cgcgggcgga cagccagag gaggaggccg ggaatggcc gcggtgtggc agcaagtctt 180
agcagtggac gcgaggtaca acgcgtaccg cacaccaacg tttccacagt ttcggacgca 240
gtatatccgc cggcgaccca gctgctgcgg gagaatgccg aggctgggca cccccagcg 300
ctgcgtcggc agtacctgag gcttcggggg cagctgctgg gccagcgcta cgggcccctc 360
tccgagccag ccagtgtctg tgccatagc aacagcatcg tccgcagtag ccgcactact 420
cttgaccgca tggaggactt tgaggatgat cctcggggcc tggggggccc tgggcaccgt 480
cgttctgtca gcagaggctc ctaccagctg caggcgcgag tgaaccgtgc cgtctatgag 540
gacaggcccc ctggcagcgt ggtgcccacg tcagcagcag aggcaagtcg ggccatggcc 600
ggggacacgt cactgagcga gaactatgcc tttcggggca tgtatcatgt ttttgaccag 660
cacgtggatg aggcagtccc aagggtgcgc ttcgccaatg atgaccgaca ccgcctggcc 720
tgctgtcac tcgacggcag catctccctg tgccagctgg tgcctgcccc acccagctg 780
cttcgcgtgc tacggggcca caccctggt gtctccgact tcgcctggtc cctctccaat 840
gacatcctcg tgtccacctc actggatgcc accatgcgca tctgggcctc tgaggatggt 900
cgctgcaccc gagagatccc tgaccccgat agcgtgaac tgctctgtg caccttcag 960
cctgtcaaca acaacctcac tgtggtgggg aacgccaagc acaacgtgca tgtcatgaac 1020
atctccacag gcaagaaagt gaaggggggc tccagcaagc tgacaggccg tgtccttgct 1080
ctgtcctttg atgcccctgg ccggctgctc tgggcgggtg atgaccgtgg cagtgtcttc 1140
tcttctctct ttgatattgc cacagggaag ctgaccaaag ccaagcgttt ggtggtgcat 1200
gaggggagcc ctgtgaccag catctcagcc cggctcctgg tcagcccgca ggcccgggat 1260
ccctcactgc tcatcaatgc ttgcctcaac aagttgctgc tctacagggt ggtagacaac 1320
gaggggaccc tgcagctgaa gagaagctc cccatcgagc agagctcaca tcctgtgcgc 1380
agatcttctg tccctcatg tccttccgcc agggggcctg cgtggtgacg ggacgtgagg 1440
acatgtgcgt gcacttcttt gatgtggagc gggcgggcaa ggctgctgtc aacaagctgc 1500
agggccacag tgcacctgtg cttgatgtca gcttcaactg cgacgagagc ctactggcct 1560
ccagtgaagc cagcgcatg gtcacgtct ggaggcgga gcagaagtag ggtcctgtcg 1620
gccctgctgc tgtcctccat cccaccctc ttactccagc ctcgtgttgt aaataaagtt 1680
tcggtggtca tgcgtgaggc cggctcccag ctctgccggg gacggacagg gcagagggca 1740
gcgggcagct ccaggaacac ggtgaaaaaa aaaaaa 1776

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1242 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

5

ccccgacaa ggcgagtag tgcaatcccc catggcgcca atacagggcc ctgaacgcct 60
 tgcccggtgc ccttgaatta aagtccttct tcaacgcctt tgtatggcga gaagcgaact 120
 ttgagccccc agagacctga cccaacaccc cgcagggcct ccaggagggg cctgggcagc 180
 10 cccacagtcc cattcctcca ctctgtatct atgcaaagca ctctctgcag tcttccgggg 240
 tgggtgggtg ggcaggagag ggctggggca ggtctctctc tctctctctt tgtgggttgg 300
 ccaggagggt ccccgaccca ggttggggag acttggggcc agcgcttctg gtctggtaaa 360
 tatgtatgat gtgttgtgct tttttaacca aggagggggc agtggattcc cacagcacia 420
 ccggtccctt ccatgccttg ggatgcctca ccacaccag gtctcttctt ttgtcttgag 480
 15 gtcccttcaa ggctcccca atccaggcca aagcccatg tgccttgctc aggaactgcc 540
 tgggccatgc gagggggcag cagagggcgc caccaccacc tgacggctgg ggaccacccc 600
 agccctctc cctctctgct tccagactca cttgccattg ccaggagatg gcccacaaca 660
 gcaccccgct ttgtcagcag aggagctgag ttggcagacc gggcccccct gaaccgcacc 720
 20 ccaccccacc agcccggccc ttgctttgtc tggcctcacg tgtctcagat tttctaaga 780
 ccaaaaaaaaa aaaaaggaaa aaaaacacaa aacaacaaaa accaaaaaaaa aaaaaaatca 840
 caaaaacaaa aaactataa aaaagaaaga attaaaaact ttcagagaat tactatttac 900
 tttattaact tacggattta ttatataaat atatattcac ctacgaacat atctctgccg 960
 tctctctgct tctcataatg aagacatagc cgattctctg cccggggccc ttgtgatgcl020
 25 tcttccgggt ctgcgtcggg cgtgggtctc tggggaccct ccagggtgg aggtgggctg1080
 atggcctggc tgcctgtgtg ttgatgggtt tgcctcccct accttttttt tttaggtttal140
 ttctgattga ttttttttct tggtttctgg ataaaccacc ctctggggac aggataataa1200
 aacatgtaat atttttaaga aggaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1242

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 553 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

60

65

aagcgctgac gcatgcgcat agctaaccgc acccggttca gctcgccctt cttggccaga 60
 ggcgcgggtt ggactcacgg gcggggcatg atggtggtgg gtacgggcac ctgcgtggcg120
 ctctctctcc tctgtccct gctgctcttt gctgggatgc agatgtacag ccgtcagctg180
 gcctccaccg agtggctcac catccagggc ggcctgcttg gttcgggtct ctctgtgttc240
 65 tgcctcactg ccttcaataa tctggagaat cttgtctttg gcaaaggatt ccaagcaaag300
 atcttccctg agattctct gtgcctctct ttggctctct ttgcatctgg cctcatccac360
 cgagtctgtg tcaccacctg cttcatcttc tccatggttg gtctgtacta catcaacaag420

atctcctcca ccctgtacca ggcagcagct ccagtcctca caccagccaa ggtcacaggc480
 aagagcaaga agagaaactg accctgaatg ttcaataaag ttgattcttc ytaaaaaaaa540
 aaaaaaaaaa aaa 553

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

gaaaaacagc tcgcgctgca caaagataga cggggagctc cccagggctc ctctgtgctt 60
 tactaagatg gcctcagctc ccactgtggg cttgagtggc atacactgtt attcatgggt 120
 aaggtaaagc aggtcaaggg atggcattga aaaaatatat ttagttttta aaatatttgg 180
 gatggaactc cctactgacc tctgagaact ggaaacgagt ttgtacagaa gtcagaactt 240
 tgggttgga atgagatcta ggttgtggct gctggtatgc ttcagcttgc tggcaatgat 300
 gtgccttgac aaccgtgggc caggcctggg cccagggact cttcctgttt cataaggaaa 360
 ggaagaattg cactgagcat tccacttagg aagaggatag agaaggatct gctccgctt 420
 tggccacagg agcagaggca gacctgggat gccccagttt ctcttcaggg atggatagt 480
 acctgtcttc attttgcaca ggtaagagag tagttagcta acctatggga attatactgt 540
 ggggccttgt gagctgcttc taagaggcta acctggaaac taagctcaga ggcaaggtaa 600
 taaagcactt cagggtctgc tccccaaagt ggctgattt agcaggtggt cctgcgggcg 660
 tccaggtcag caccttctct tagggcactg gggctagggt cacagcccct aactcataaa 720
 gcaatcaaag aaccattaga aagggtcat taagcctttt ggacacagga cccagagag 780
 gaaaaagtga cttgcccaag gtcgtaagca agctactggc atggcaagag cccagcttcc 840
 tgacggagcg caacatttct ccactgcact gtgctagcag ctcagcaggg cctctaacct 900
 gtgatgtcac actcaagagg ccttggcagc tcctagccat agagcttcct ttccagaacc 960
 cttccactgc ccaatgtgga gacaggggtt agtggggctt tctatggagc catctgcttt1020
 ggggacctag acctcaggtg gtctcttggt gttagtgtat ctggagaaga gaattattact1080
 ggtttctact tttctataaa ggcatttctc tatatacatg ttttatatac ctcattctga1140
 cacctgcata tagtgtggga aattgctctg cttttgactt aattaaaaaa aaaaaaaaaag1200
 acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```

25  cgacaatatt cctacagttg tatgggtggc atgttggcaa tttgtgatgt agccgaatat 60
    aggaagtgtg ccaaagactt caagattcca atggatttac atctttttga tactctgcat 120
    gctctttgca atcttctggt agttgcccc aataatttaa agcaagtctg ctcaggagaa 180
    caacttgcta atctggacaa gaataactct cactccttcg tacaacttcg tgctgattat 240
    agatctgccc gccttgctcg acacttcagc tgagattgaa tttacaaagg aattcagtg 300
30  cagttccttt acagaggaat gtcttatact tcagcagccc tcggttgata gaaagcacag 360
    gagatacctt atgacacagc caacattttg tgaacaatg actggaacaa aacagcagcc 420
    atactacctt ttgaggtttt atttaaagt ttgataccac tagctatatt ttgctttttt 480
    cccctcacat tgaattttta ttccattctt gaatgtagaa atttcagatt ctctaaaaact 540
    acatgtcact gtttttatcc tagaaaatgt tgctgtcaga aggcaaagga aatgtttacca 600
35  gtgttttcgg ttcttgactt ttaacatat tccatttaga aattttgcca ttctgttttc 660
    cattaataat aggtgaaata caggaaaact acatttgtaa ttctcagatt tttaatgacc 720
    ttttcagcat caattgttaa tcagattatt ttaggttttc gtaataaatt tttttgcctc 780
    tttcaaaagg ttaacaatta agcatacttt ctgcagttgg ttgattggat ttttttctga 840
40  ggtacagcat taatactagt ccaaaaaatg tcataaactg aactaaaatg atgaactatt 900
    ttatgtagac attaggagtg gatcggaata cttctgcttt ctgggtaaaa cttaaaagtt 960
    tactatttct ttttggtaa atagatttta agccaattct agtaagaaat taataaaaact1020
    accttatttt gtatttcact taagggtggag gaccttaact aaaggaccat atttattcat1080
    tattttaata ttataaggga agtaaaaaaa agtgaggat agtctaaaat gtgcatatag1140
45  gaaatactga cagtgtttag caacatgcag cccttgaga ttctgtcgt aatgctaaac1200
    ttgaataaga tggaaatggt gaacatgtgg ttagtctttt attttaagaa gaattgagaa1260
    ttgatagatt tggagatgag ctttgcaaag gctgtttgct tttcatgtct ataggtctgt1320
    cattgtcctt tttcaaagca tttctgaagt tttcttact tggatatagt taatggaatt1380
    ggcttaattt gatgacataa taaatcactt ataaaatttt aaatatcaag tgaaaattta1440
50  gaaaggccat tactattcta taaaccttat aaacttgctc tgggagaatg cattctaaat1500
    tatatatagt gtttcagctc ccattgtggt gttcatagtc ttctaggaac agataaaact1560
    aagtattcaa ttcactcttg ggcatttggt cccggaggcc ccccttttta gccgattttt1620
    gggaaaacct gcttttcttc tgaggaacct tattctgtaa tgcatccac tttacccaaa1680
    ccgttctaag gtccagaggc taaccgaggt actggtttag g 1721

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1074 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

```

cgagcgcttc ctcaccacct ggcacgggca cggggcctgc agcacctacc gaaccatcta 60
taggaccgcc tacgcccgca gccctgggct ggcccctgcc aggcctcgct acgcgtgctg 120
ccccggctgg aagaggacca gcgggcttcc tggggcctgt ggagcagcaa tatgccagcc 180
gccatgccgg aacggaggga gctgtgtcca gcctggccgc tgccgctgcc ctgcaggatg 240
gcggggtgac acttgccagt cagatgtgga tgaatgcagt gctaggaggg gcggctgtcc 300
ccagcgctgc gtcaacaccg ccggcagtta ctggtgccag tggtgggagg ggcacagcct 360
gtctgcagac ggtacactct gtgtgcccäa gggaggggcc cccagggtgg cccccaaccc 420
gacaggagtg gacagtgcaa tgaaggaa gaagtgagagg ctgcagtcca gggaggacct 480
gctggaggag aagctgcagc tgggtgctgg cccactgcac agcctggcct cgcaggcact 540
ggagcatggg ctcccggacc ccggcagcct cctggtgcac tccttcagc agctcggccg 600
catcgactcc ctgagcgagc agätttcctt cctggaggag cagctggggt cctgctcctg 660
caagaaagac tcgtgactgc ccagcgcccc aggctggact gagccccctc cgcgcgctg 720
cagcccccat gccctgccc aacatgctgg ggtccagaa gccacctcgg ggtgactgag 780
cggaaggcca ggcagggcct tcctcctctt cctcctcccc ttctcggga ggctccccag 840
accctggcat gggatgggt gggatcttct ctgtgaatcc accctggct accccaccc 900
tggctacccc aacggcatcc caaggccagg tgggccctca gctgagggaa ggtacgagct 960
ccctgctgga gcctgggacc catggcacag gccaggcagc ccggaggctg ggtggggcct 1020
cagtggggct gctgcctgac cccagcaca ataaaaatga aacgtgaaaa aaaa 1074

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 194 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

5 gttcagctcg cgtttgttgg ccagaagagc cggttgggct caggggcggg gcatgatggt 60
 ggtgggtacg ggcacctcgc tggcgctctc ctccctcctg tccctgctgc tctttgctgg120
 gatgcgggtg tgcggccgtc cgctggcctc cgccgggtg ctgccgtcc ggggcgggct180
 gcttggttcg ggtc 194

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 218 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

40 cttgggtacg tgagcagggt gttaagttag ggtctgcctg tatttctggt ccccttgga 60
 atgtcccctt cttcagtgtc agagctcagt gccagtgtgc atatggtgcc cagaggagta120
 gacattgtgc tgccccagcc ctgccccagt gcgctctgag ctgctagtgc cctggggccc180
 agtgacctgg gggagcctgg ctgcaggccc tcaactgt 218

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 746 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```

gcccagtcgc tgaccgagcg caccgcccgc ccggcgccat cttcccgacc gcgagccgtc 60
caggtctcag tgctgtgccc ccccagagcg ctagaggatg tttcatggga tcccagccac 120
gccgggcata ggagcccctg ggaacaagcc ggagctgtat gaggaagtga agttgtaca 180
gaacgcccgc gagagggaga agtacgacaa catggcagag ctgtttgcgg tgggaagac 240
aatgcaagcc ctggagaagg cctacatcaa ggactgtgtc tccccagcg agtacctgc 300
agcctgtccc cggctcctgg tccaatacaa agctgccttc aggcaggctc agggctcaga 360
aatcagctct attgacgaat tctgcccga gttccgcctg gactgcccgc tggccatgga 420
gcccgatcaag gaggaccggc ccatcaccat caaggacgac aagggaacc tcaaccgctg 480
catcgacagc gtgtctctgc tcttcacac ggtcatggac aagctgcgcc tggagattcc 540
gcgccatgga tgagatccag cccgacctgc gagagctgat ggagaccatg caccgcatga 600
gccacctccc acccgacttt gagggccgccc agacggtcag ccagtggctg cagacctga 660
gcggcatgtc ggcgtcagat gagctggacg actcacaggt gcggcagatg ctgttcgacg 720
tggagtcagc tacaagctt aacgct                                     746

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2784 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

cagagctggt ggaggtggag gtcagtattg tgagcgaggt gaagctgctg cgcaaggaga 60
gccgcaacat gaactcgcg gtcacgcagc tctacatgca gtcctgcac gagatcatcc 120
gcaagcggga caacgcgttg gagctctccc agctggagaa caggatcctg aaccagacag 180
ccgacatgct gcaagtggcc agcaagtaca aggacctgga gcacaagtac cagcacctgg 240
ccacactggc ccacaaccaa tcagagatca tcgcgcagtt gaggagcact gccagagggt 300
gccctcggcc aggcgcgtcc cccagccacc ccccgctgcc ccgccccggg tctaccaacc 360
acccacctac aaccgcatca tcaaccagat ctctaccaac gagatccaga gtgaccagaa 420
cctgaagggt ctgccacccc ctctgcccac tatgccact ctcaccagcc tcccatcttc 480
caccgacaag ccgtcgggcc catggagaga ctgcctgcag gccctggagg atggccacga 540
caccagctcc atctacctg tgaagccgga gaacaccaac cgcctcatgc aggtgtggtg 600

```

```

cgaccagaga cagcagcccc ggggctggac cgtcatccag agacgcctgg atggctctgt 660
taactttcttc aggaactggg agacgtacaa gcaagggttt gggaacattg acggcgata 720
ctggctgggc ctggagaaca tttactggct gacgaaccaa ggcaactaca aactcctgg 780
5 gaccatggag gactggtccg gccgcaagt ctttgcagaa tacgccagtt tccgcctgga 840
acctgagagc gagtattata agctgcggct gggcgctac catggcaatg cgggtgactc 900
ctttacatgg cacaacggca agcagttcac caccctggac agagatcatg atgtctacac 960
aggaactgt gccactacc agaaggagg ctggtggtat aacgcctgtg cccactccaa1020
cctcaacggg gtctggtacc gcgggggcca ttaccggagc cgctaccagg acggagtcta1080
10 ctgggctgag ttccgaggag gctcttactc actcaagaaa gtggtgatga tgatccgacc1140
gaaccccaac accttccact aagccagctc cccctcctga cctctcgtgg ccattgccag1200
gagcccaacc tggtcacgct ggccacagca caaagaacaa ctctcacca gttcatcctg1260
aggctgggag gaccgggatg ctggattctg ttttcgaag tcaactgcagc ggatgatgga1320
actgaatcga tacgggtgtt tctgtccctc ctactttcct tcacaccaga cagccctca1380
15 tgttccagg acaggacagg actacagaca actctttctt taaataaatt aagtctctac1440
aataaaaaca caactgcaaa gtaccttcat aatatacatg tgtatgagcc tccctgtgca1500
acgtatgtgt ataccacata tatatgcatt tagatataca tcacatgtga tatatctaga1560
tccatatata ggtttgcctt agatacctaa atacacatat attcagttct cagatgttga1620
20 agctgtcacc agcagctttg ctcttaggag aaaagcattt cattagtgtt gtattacttg1680
agtctaagg tagatcacag actgtgtggt ctcaactgaa aggatcacc ttggcatctg1740
tgtgctgga ttcttcaga atgtctacaa tgctaattct tcacatagag gttcccagct1800
tcttaagaac ccttttggc acctaatcaa atttcaaat cctccccc acattttcat1860
acttttcccc atttccagga cttttcacca tccatcacc acttatccct tcatttgaca1920
25 ccatttcatta agtgcttct gtgtgtcagt cctggccac tcaactgcag tcaaggcccc1980
ctttccgctc tgcgttactc ctgcctacc tactccttg cttttctgtc gcacagcccc2040
ttctttccag gcgagattcc tcagcttctg agtaggaaac actccgggt ccaggtttct2100
gggtgggaag ggaaggccag gccaaaagct ccaccggccg tatagataat gtactcgag2160
ttttgtatct tccattcata ctttaaccta caggctcatt gagtcttcac acaataata2220
30 acctatctgg ccaggagaat tatctcagaa cagaagtcag cagatcatca gagccccag2280
atggctacag accagagatt ccacgtctc aggtgacta gagtccgat ctcatctcca2340
aactacactt ccttgagaa caagtgcac aaaaatgaaa acaggccact tctcaggagt2400
tgaataatca ggggtcaccg gacccttgg ttgatgcact gcagcatggg ggctttctga2460
gtcctgttgg ccaccaagtg tcagcctcag cactccggg actattgcca agaaggggca2520
35 agggatgagt caagaagggt agacccttc cgggtgggcac gtgggcccag ctgtgtgaga2580
tgttgatgt ttggtactgt ccatgtctgg gtgtgtgcct attacctcag cattctcac2640
aaagtgtacc atgtagcatg tttgtgtat ataaaaggga ggggtttttt aaaaatatat2700
tcccagatta tcttgtaat gacacgaatc tgcaataaaa gccatcagtg ctatttggat2760
40 gtatctaaaa aaaaaaaaaa aaaa 2784

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 806 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

agcaaaacag gagaggagga aagatcagag agagagggaa aaccagagat agagggaaag 60 5
 ccagagagtg aaggagagcc agggagtga acaagggctg caggaaagcg cccagctgag120
 gatgatgtac ccaggaaagc caaaagaaaa actaataagg ggctggctca ttacctcaag180
 gagtataaag aggccatata tgatatgaat ttcagcaatg aggacatgat aagagaattt240
 gacaatatgg ctaaggtgca ggatgagaag agaaaaagca aacagaaatt gggggcggtt300
 ttgtggatgc aaagaaattt acaggacccc ttctacccta gaggtccaag ggaattcagg360 10
 ggtggctgca gggccccacg aagggacatt gaagacattc cttatgtgta gtgtccctgg420
 caggcattta ccaggccatg tgctttaacg ttacggtaat actttacttt aggcattccct480
 cctgttgcta gcagcctttt gacctatctg caatgcagtg ttctcagtag gaaatgttca540
 tctgttacat ggaaaaaatg ttgatgggtc attgtaaaat taaaaaacac aacttgca600
 accaaatata tggcatcagt acatttttgt aaaactacaa agatacttac ctagtaatat660 15
 agtatagaaa acaattctga aagctgtgtc cactaaaaga ttaacagtgg ttatctctgg720
 gtgaattttt cgggttcctt ttgtgttcct ctgtccagtt ttccccaaa acagagttcc780
 ttagtctgtaa aatattaaat ttgaag 806

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 534 Basenpaare 25
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA 30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN 35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH 40
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library 45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

tacctttgac aagatggcgg caggaggcag tggcgttggg gggaagcgca gtcgaaaagc 60 50
 gatgccgatt ctggtttcct ggggctgcgg ccacttcgg tggaccagc gctgaggcgg 120
 cggcggcgag gcccaagaaa taagaagcgg ggctggcggc ggcttgctca ggagccgctg 180
 gggctggagg ttgaccagtt cctggaagac gtgcggctac aggagcgcac gagcggtggc 240
 ttgttgctcag agggcccaaa tgaaaaactc ttcttcgtgg acactggctc caaggaaaaa 300 55
 gggctgacaa agaagagaac caaagtccag aagaagtcac tgcttctcaa gaaaccctt 360
 cgggttgacc tcctcctcga gaacacatcc aaagtccctg cccccaaga cgtcctcgcc 420
 caccaggtcc ccaacgcca gaagctcagg cggaaggagc agctatggga gaagctggcc 480
 aagcaggcgg agctgccccg ggaggtgcgc agggccagg ccgggtcct caacccttct 540
 gcaacaaggg ccaagcccgg gcccaggac accgtagagc ggcccttcta cgacctctgg 600 60
 gcctcagaca accccctgga caggccgttg gttggccagg atgagttttt cctggagcag 660
 accaagaaga aaggagtga gcgccagca cgcccgaca ccaagccgtc ccaggcgccc 720
 gccgtggagg tggcgctgc cggagcttcc tacaatccat cctttgaaga ccaccagacc 780
 ctgctctcag cggccacga ggtggagttg cagcggcaga aggaggcgga gaagctggag 840
 cggcagtggc cctgcccgc acggagcagg ccgccacca ggagtccaca ttccaggagc 900 65

DE 198 17 946 A 1

5 tgtgcgaggg gctgctggag gactcgatg gtgaggggja gccagggccag ggcgaggggc 960
 cggaggtggg gatgccgagg tctgtcccac gcccgccggc ccggccacca cagagaagaa1020
 gacggagcag cagcggcggc gggagaaggc tgtgcacagg ctgcgggtac agcaggccgc1080
 gttgcggggc gcccggtccc ggcaccagga gctgttccgg ctgcgcggga tcaaggccca1140
 ggtggccctg aggtggcgg gactggcgcg cgggcgagg cgggcgagg cgggcgagg1200
 ggctgaggct gacaagcccc gaaggctggg acggctcaag taccaggcac ctgacatcga1260
 cgtgcagctg agctcggagc tgacagactc gctcaggacc ctgaagcccg agggcaacat1320
 ccttcgagac cggttcaaga gcttcagag gaggaatat atcgagctc gagagagagc1380
 10 caagttcaaa cgcaagtaca aggtgaagct ggtggagaag cgggcgttcc gtgagatcca1440
 gttgtagctg ccatcagatg ccggagactc gcccttcaat aaaaaatctc ttctagctga1500
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaataaa aata 1534

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 807 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

45 tttgagggta atgcaacttc ttatttatta atatataata acaacaatta tacagctcat 60
 atctgcaact gtttaggtctt tggtatgtct tgggtacttt gtctggactg gccgtgacct120
 tcagctccag ggtctgggct aggaagacgt tccagtgacc ttctggggg ccagcgagca180
 gtcggaagtg ctgtgcctct ttctggaagt cttgcttcct gactttcttg atctgagtca240
 agtgaagat tcttttacc agcttcaga ggtggatctc caccaagtcc gaggcctcgt300
 50 gttccagggc aaagcgacgc aggttgctctg ggcccttggg gataccgatg tgtggacgag360
 gaccgggccc ggtgccttg gacacctggt agaactgatc tctctgtggc cagggtctgc420
 tttgtcctct gggcaaatct tgcagcactt cccagccact ttctcggggg gacggcaggg480
 gtactcggtg ggacaggtca cacgctggca gtccctggcg ccatcctcac aggtgcatag540
 gatgcagggc aaggggccga aggcacggaa ggccgggtgc cacacctccc cgtgggagta600
 55 cgtcttccc ccatgcacac aggtttctt atgtttctc ttccaggacga tcttgacagt660
 tgtgctgcct gtcctcttg gtctgaagtg gcgagggata aagctcagag gggcgctgag720
 gccagtggg gctggggctg accgggcctc tctttctccc aggatggatg ggaacaggga780
 tgetgagggt gtctaagccg gtgggag 807

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 65 (A) LÄNGE: 3389 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

DE 198 17 946 A 1

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

ctccacaaac aatttcattg ttgtagcat atctatttct ccatacattg taaaactgta 60
atcccttaggt atttctaaaa cataaaagg agaatatagt cagctgcaga acaatggggc 120
tgattcttct gctttttctc tggaaaatct ttcatgtgct ttgggtggaaa tttacctaga 180
ggttacaacc acaggatgta gcttggtctc ttatttgcct ttttgggaaa ccaattaaga 240
ttaatacagg ataaaggaaa aaagcaatct attcattata taacacagtt gtttgattata 300
cttggtccct gcaaaggaaa tctgttgaat gcttgcattt tgaattcttt tctaataaga 360
caacacaaaa aggtcttcta tgggtgcagca gaaaaaaga tcatttttat agctttgcat 420
tcttaacata gcatttaaag agcggcatga attagaggaa agacatggaa cacacaggta 480
gtcgggttga gatcatcggc ttaaaagtat cctaggatgg taatgaccca gaagtatttc 540
cagttgtcta gtggtgtggt atgcaggaat gagaagtgtt ttctttccat ttctgtttgg 600
acaggtggca atcttagcag agccactatt tggagttgat aactaaagat gcaataaaca 660
tgactatgcc ttctggtcat cctaggacta tttggagttc tccaaaacct tgtaagaggc 720
atgtcaggca tgcagtaaaa gcatctacaa cttcagctgg gcactggcag cataggtctc 780
atcttggaac atacagtccc actttataga agaggggtga agttctccaa aacaatatcc 840
acaacaaagt ctgacctcac tctgagggag atgggaagtg ggaggaagaa ggactaacca 900
gctccctgga gtaagaggaa tttgctttcc ctgtctgcc accaggggct atatgtgcca 960
cctttcaggt tggggccaaag gaagtgtatg cagttgtgaca gaaggagag ttagacctcc1020
agacgtcagc ctccctccca tgggttacat tttcaatctg agtgttgttg ccttagctgt1080
gttggtatta gcttgattgg ttggtccgct gggtatgagg ttagggagg cagttttgt1140
ttaagtttta ggactttgcc tcttcttttg tcttagcat aatttctagg cagagcatcc1200
acgaagtccg ttttcattgc cagctcaaga gcgacaatca tttacagtt cctatgttat1260
gttaggtgcc ttatgtatat tatcccaaat cactgcagtg gtttaaatat aggcactggal320
atataaatga aaagggtcat tacagtcact gactttctgc aggccttaa acatttctct1380
ttccacaagt ttccctctaa tcatgtgtca aacctctctt cctgacggga atgttgtgt1440
ataatgaatc tgcataacgc ttgggattct aggggaagg aaggttccat ggacatgtaa1500
gtacagcata ttccctcag tcttctagga ggcagagtg aatcccagaa ctggttaagat1560
tggaatctg agcattgcca ctttaatctt agaataatata tcattttgac acatcctgtt1620
ttttagagag gaaacaaaac acagtttctg cattggtagt gtaaagcata ccttgtaggl680
aacgtgtttt gtaagacaca tttgggtgtt cattctagag catgtcaaac tttgtacttc1740
aaaatatatt tagtatgatt gttagtgtga acatatatca aggtttttaa ttaactgttt1800
tatttaattt tcacaagaag cacttatttt agccatagga aaaccaatct gagctacaaa1860
tagttcttta aaataagccc aggttattta gctattctag aaagtgccga cttctttcaa1920
gaagcaggca ttgtaggaca gctgagaatt atcacatagc cttaaattcta gcctggcagc1980
aagagtcaca tctgagatgt ccaaaaaaaa cacctgatct acattgaaag2040
ggggtagact aacgtatgtg agaccatttt cctattttgca gttacaaggt taaagaactt2100
tgaaggtcat tcggtgtcta agaggcatgt cgaacactct gtgtggctct ttcacagtaa2160
accctcctaa gagcagaaga cacatggctg ttagtgtctg cgttttagatt taatttctca2220
aataaaggcc cttggctgcg tatcatttca tccagttata aactagggct cctgcaagca2280
ccccattct aagggtgaat tattgaaatc agttgtatt tgatgagtc caactggccc2340
agcaggcagg gcatttgaag tcatgtgcat caaaaagaaa tgattgtttt ttgaaaagct2400

5 aaatgcttaa aatgcttcta gaggggaagtc gtggggcggtg tgctcattct ctttaaaatc2460
 aggggtgttg agtttgtttt taaacatttt tataagttca tgagauaaaa catataaatt2520
 ctaagaacca aactgtatt cccagaaaca tgaccctgc tggcttggg tccacatatc2580
 attggactct gggggacaca aagatgcctg tgacactttg gtgttgccga gttagtcaac2640
 aattattctg ggaaaaagca gaattgaatt cttctctaga tgcctacca gggttggcca2700
 agggccacaa agcaggctaa taaattccca caggatccag acaccaggca aaattgctct2760
 aagaagccag ttactgtcat ccctctatgg ttctagaaaa aatagtacaa aaatgacagg2820
 tcatctatg agcgtcatgc caatgaaacc ccatcttctg gagaagccct tgaatcagaa2880
 10 ttatcttttt tcttgatgtc gtcagatgca gccagtttct taattttttt aaaaactgta2940
 tgtttctgtg gtatgtatat ttgtacacct aactacctgg cacttggaat tcacagcact3000
 actcagaggc aattgataa agagaaattt aatttttaaat atcaagtcct gtcaaacatt3060
 tctcaaacct ctgattttat caaaggtttg ccagccaata aagtgcattc caagtataca3120
 ggggagaaaag ctgactcct acagggtcct agagtttaag taattttttt gttattaata3180
 15 taggtaataa tttttctaat ttttattttt tggttccaaa tgtaaagctc cttgtgttta3240
 cctctgttta tgtcattctt gacatgttta tctaaattat gtgtgctctg tgacagggtga3300
 aatgtaaadc tgggatccat agtcaagata tcataaggac ctacttccca gcctaccttt3360
 cttcctctac ctgataatga taatactca 3389

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1919 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

50

caccgcctcc ccgggagacc gattgaggaa cccaccttcc tctactgtt caagtaccag 60
 gggggccttg tcccgcgaag ggaagaaaa gcaaaaagac cgaaaatggc taaattcggg 120
 gatccgcca gccactgccg ccgactgcag tgacatactg cggctgatca aggagctggc 180
 55 ttaaataatga atacatggaa gaacaagtaa tcttaactga aaaagatctg ctagaagatg 240
 gttttggaga gcaccctttt taccactgcc tggttgcaga agtgccgaaa gagcactgga 300
 ctccggaaag taaccctctg ccctttccag aagccagaga gaccaagtgt tatgtaagaa 360
 gtagtgctcg ctgtgtagaa ccaactgacta cacaggccga agttactgag aacttgga 420
 gaaaaaatag ccagcaagtg ttcaaactac tgaggaaaaa aaaaaattag atatgctgca 480
 cttagaata ctagggcagg ttaaaagagc tgtttaagta agtatcagag tgctgtggag 540
 60 actcgggaagt gtttaagctg cttaagtaag tataagtgtg gtggagaccc ggaagagtta 600
 gatataatgt catttggtgt aattcagttt cataaaatgg ttcttggttg accctaactg 660
 aacagttttt gtaattgtgt taaatcacat ttttttctt aatttgctcc aatcttcagg 720
 ttacagtctc tagcttcgcc atgtacatgg cccttccgtg tacatggatg ggcggggagg 780
 65 taactaaaag atcctttaca caataaagta gatgatcatg ataaatgagg taaggctcta 840
 ttatcacaca cttcaaacac ggtagatcag aaaccacta tgatactcgc ttcctgtctg 900
 tttgctaagg aatataaaat ggctagaaag ttttaattga aacctttgcc tccatttggg 960

atagtagaca ccagttaaga ggggtgtcaga tgcctttttt tggctgggtcc ctgttgattg1020
 gtcagaagac agctcagcta aaaggggaag ttgtctgggt ggcgctttt tttctgacgt1080
 ctgttctctca ggctggaaga aatgagcaga aaacaaggga tgagtacttt ttagagtatg1140
 tgcatgttac gtaataacctg tttctgggca atgctgcttc ttctgactca acaaatgggg1200
 agagcaaatt gaaaatgcgt aaattggaag gcaagttctg aaattaaacg ttgtactttg1260
 gcctgatgtt ctgaccttta aggaagcaag agtttgtaaa cttccaaata tttactattc1320
 tgaactgccg tgtaaacctg acgtattccc aagtcaacat accagtatac caataggatg1380
 tgaataatgt gtgtgttgag tttaaaacca tagcagtttt gctctggcaa gtaatgaaag1440
 cgttctcgct tcctgagtgt gagctccagc agactgcaga gtggccagtc cacagttgtal500
 gcctgacttc agtgagttct gatgtgtgct ttttgcaaat acatgtttctc agaacagtga1560
 gatcatccag cagtggcctg gactgcactc acataaaaat catgagacag ccatggctac1620
 ttgtttctgt aatacatgca tgtgtgtttt ttaaaaccta tgataggcct ctgattctgc1680
 agctgcaact tttatggaat gttttccttc tccacatctc atgtgatgct cttattacag1740
 gacacagcat tgttggtttt gccatgtact attttaccta tgaccogtgg attggcaagt1800
 tattgtatct tgaggacttc ttcgtgatga gtgatataga gcttggcaaa gatcagaaat1860
 ctgaagaatc taagccagtt gcaatgagtg tcgctgcaac aacgtgcact cctgggagg 1919

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 280 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

cccacgcgtc cgcccacgcg tccgaaaacc atcaaggtat ggaataccct ggggtgtgtgc 60
 aaatacactg tccaggatga gagccactca gagggggtgt cttgtgtccg cttctcgccc120
 aacagcagca accctatcat cgtctcctgt ggctgggaca agctgggtcaa ggtatggaac180
 ctggctaact gcaagctgaa gaccaaccac attggccaca caggctatct gaacacgggtg240
 actgtgtgtg cagatggatc ctgtgtggtt tggggggagg 280

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 451 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```
tcaaattccg aagcgaaaac ttcgtgcccc aacaatgtcc tctgttcctt gttaaaccacc 60
ctcttcaatg aacccctcgc tgccctgggct ttcaataaga attcgcctac tccgtggaag120
tctagggaca ggaagatggg tggcgacgtg accggggccc aggcctatgc ctccaccgcc180
aagtgcctga acatctgggc cctgattctg ggcctcctca tgaccattct gctcatcgtc240
atcccagtcg tgatcttcca ggcctatgga tagatcagga ggcactactg aggccaggag300
ctctgccccat gacctgtatc ccacgtactc caacttccat tctctgcctt gccccgggag360
ccgagtcctg tatcagccct ttatcctcac acggttttct acaatggcat tcaataaagt420
gcaagtgttt ctggtgaaaa aaaaaaaaaa a 451
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1011 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
ctcgagccgc tcgagccatg actgtatcag gttaagatat agtctgtgga tggatcatct 60
gatgatgatg gataaatttg atttttgctt tgggtgggct cctcttgggg atggattatg 120
gaatttaaac catgtcacag ctgtgaagat ctggcacaag atagaatggg aaaaaaaaaa 180
aaaattttta gtagacagtc catagtttgg acagtacott tcaatgatta attttaatag 240
cctgtgagtc caagtaaagt atcactttat ttgctaggga ggaagtcct aggggtggtt 300
```

```

cagtttctcc cagacatacc taaattttta catcaatcct tttaaagaaa atctgtattt 360
caaagaatct ttctctgcag taaatctcgc aggggaattt gcactattac acttgaaagt 420
tgttattgtt aaccttttgc gcagctttta ataggaaagt taaacgtttt aaacatggta 480
gtactggaaa ttttacaaga cttttaccta gcacttaaat atgtataaat gtacataaag 540
acaaactagt aagcatgacc tggggaaatg gtcagacctt gtattgtgtt ttggccttg 600
aaagtagcaa gtgaccagaa tctgccatgg caacaggctt taaaaaagac ctttaaaaag 660
acactgtctc aactgtggtg ttagcaccag ccagctctct gtacatttgc tagctttag 720
ttttctaaga ctgagttaac ttcttatttt tagaaagtgg aggtctggtt tgtaactttc 780
cttgacttta attgggtaaa agtcttttcc acaaaccacc atctattttg tgaactttgt 840
tagtcatctt ttatttggtt aattatgaac tgggtgtaaat ttgtacagtt catgtatatt 900
gattgtggca aagttgtaca gatttctata ttttgatga gaaatttttc ttctctctat 960
aataaatcgt ttcttatctt ggcattttta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1011

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 302 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

gtcttggtc tgtcaccag gctgggttgc agtgagccgg gattgtgcga ctgactccag 60
cctgggtgac aggtgaaac gccatctcaa aaaataaaaa ttaaaaaata aaaaaagaac120
ctggatctca atttaatttt tcatattctt gcaatgaat ggacttgagg aagctaagat180
catagctaga aatacagata attccacagc acatctctag caaathtagc tattgctatt240
gttaggctat tgcttacagc tgtatttgac catatacttg gagttgaata ttgttttcatt300
ac 302

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1931 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```

gttccttttg ttttttctgt ttcttttctc gttgtttttc tttcctttta atagttaaga 60
gattttattc taatagctat aattacagtg cttgtttgtc gaaatgaaaa ctgaaaacaa 120
gtatacaaaa cagtttgatta ctaatcgtgt attgaaagca gtaagagggt ccacgacacc 180
aaatagacca gttctgaggt ttccccaaga taaatttaac agctccagct tcagtgttta 240
tcaaaataca aaagaaaaaa gtagagggtg tctttttcga tggcaaatcg gacccttgca 300
ggctgaggga gagaaagcta catcacacac agagggtggg tgctcccgag gggctgtggg 360
tctaggtgga ccgcctgccc ggcttgacag cgctcctgct ggtgaggccc cagacatcct 420
gccaagtgt ctgagcgagc acgagtgttg gggacgacgg acccactctg gccacacggc 480
gaccgaggga cagatggggc cctgcgtccc ataggctgcc tgaagtgagg tagggcgctc 540
gcggcatagt ggggtggctg tgggctccca gcctggcccc tgggaaccgt gggagcacag 600
ggacaagcac atggctatgg aatgcagggt gacccaagga caagcgagtt gcggggatct 660
ctactgtgac catgcagaat tgatcgagct ctctgcgcca ccaccacctc atgttccoga 720
ggggaacagc tgggctggcg actggcatcc aggccgtaac tgcaaatcta tgctaggcgg 780
ggtctccctt ctgtgtgttc aagtgttctc gacttggatt cttactatt ttaaaaaatg 840
cactgagttt ggggttaaaa ccaaccacca aaatggattt caacacagct ctaaaagcaa 900
gggcgtggcc ggctctccca acacagcgac tcttgaggc caggtgcccc tgggcctaca 960
tccctctca cactgaaca gtgagttgat ttttctttt acaataaaaa aagctgagta1020
atattgcata ggagtaccag aaactgcctc attggaaca aaaactattt acattaaata1080
aaaagcctgg ccgcaggctg cgtctgccac atttacagca cgggtcgatg cacacgggtgal140
ccaaaccacg gaggcagctt ctggcactca caccacgagc cgcacgtttg ccacatgaga1200
gtaaagcaga gggcaagagg agtgagaggg aggggggtcg cgttcacttc tggttccgga1260
gctgattgga cagccagtcc agtccttcat agagcccgtc gccgctgggtg gcgcagggtgg1320
cctgaatgta ccagttcctg tggcgtagtg agtgacgccc cagcttgtct gtgatctcgg1380
ccgcattcat ggcgttgggg aggtcctgct tgttggcgaa caccaggagg acagcatccc1440
ggagctcgtc ctgcggcagc atcctcatga gctcctcacg ggcctcgttc acacgctctc1500
tgtcattgct gtccaccacg aagatcaggc cttgtgtgtt ctggaagtag tggcgccaca1560
ggggccggat cttgtcctgg ccaccacagt cccacacagt gaagctgatg ttcttgtacl1620
ccacggtttc cagtttgaag cctatggtgg gaatgggtgg cacgatctca cccagcttaa1680
gcttgtagag gatcgtggtc ttccctgcag catccaggcc caccatgagg atgcgcattt1740
cttttttgcc aaaaaggccc ttgaagaggt tggcgaagat gttcccatg cttgtggaca1800
ggtggaagga cactggccag ggacacctca gaggtgctg ctccgagcca ggcgttggtt1860
ttgctcccac aagatggcgg ctctgacggc ggccacgtca gcgcctccgg gcgcggggca1920
cgccgggtaa g

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1464 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27

```

ggggcgcatg gacccccact cgcctccatc ttgctgctgc tgcttcggcc gctcttttag 60
ccctcgcgcc ccccgccggt ggctgcgcca gagcccgct cccactcccg tgctcgctc 120
gaccccgcgcc cgggcacctg tggttgga cagatagaag ggatggttg ggatacttc 180
caaaactttt tccaagtcaa cttggtgtag ccggttcccc ggccacgact ctgggcactt 240
ccctgaagc tctctccgg agcttgactt cttggacctc ctccccgcc ccaattccaa 300
gctccagaaa ctcccaactc gtctgccgtc cagaaagcta gctgcagtgt tcaggacgtc 360
cgggaggaag caagcatgtg gggacagaa cagtagtcct ggactcgaaa gggaagggtc 420
tgaccagtgg ggccttagca atttgaaggg ttgggaagga ggaattatat ttgcaaaggg 480
gctgtctatt agcatatttc ctttgagggg gcaaaaaaaaa gtgccagtat cgacttttac 540
agattgtggc cagtgaggat attataatcc tatgtaaaca gaaaagtccc acttaccgat 600
tcattctttc actgtttgta tctgcgcccc gaattctcag tgacgtggg gtgaggggtg 660
gtggcgattg ccttagaggg aacccctaaa ttggttttg ataagttga gcccttgacc 720
ttaatttcat tgctaccact ctgactctt agcacatttc ttaggattaa ggttccaaaa 780
atgctgatct aagggttgct catggtgttg aacaatgcaa ctttttattt aaaaaagctc 840
tgcaactgcca tgtatgaaag tctctttatg atgtttgttt tttgtcatt tttgttctt 900
acatcaagaa attttatgtt taaatatgag gagaatgtat attgcctctg ctctatcag 960
ggttgctaaa ccctgtaca tcgtatataa aatgtattaa aactggggtt tgttaccagt 1020
tgctgtactt tgtatataga atttttataa attgtatgct tcagaaataa tttattttta 1080
aaaagaaatt aaaagtttta aactcacatc catattacac ctttcccccc tgaatgtat 1140
agaatccatt tgtcatcagg aatcaaaacc cacagtccat tgtgaagtgt gctatattta 1200
gaacagtctt aaaatgtaca gtgtatttta tagaattgaa gtttaacattc ttattttcaa 1260
gagaatttat ggacgttgta gaaatgtaca aatgcatttc caaactgcct taaacgttgt 1320
atgtttatag acatgttttt taaaaatcct aagtttttaa ataactatgg atttgtgtat 1380
tttttttggt tatttgtttt attaaaacat gtacatcagt aaagagtttt aaacaatgaa 1440
aaaaaaaaa aaattttcca aaaa 1464

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2103 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```

10  ggggccgcgcg ccacgaatcg agcagtgcac gtgctcctac ccagctctgc ttcacagcgc 60
    ccacctgtct cgcgccctcg gccctcgcgc cggctttgcc taaccgccac gatgatgttc 120
    tcgggcttca acgcagacta cgaggcgtca tcctcccgct gcagcagcgc gtccccggcc 180
    gggaatagcc tctcttacta ccaactaccc gcagactcct tctccagcat gggctcgcct 240
15  gtcaacgcgc aggaattctg cacggacctg gccgtctcca gtgccaactt cattccccacg 300
    gtcactgcca tctcgaccag tccggacctg cagtggctgg tgcagccgc cctcgtctcc 360
    tctgtggccc catcgagac cagagcccct caccctttcg gaggccgcgc cccctccgct 420
    ggggcttact ccagggtgag cgttgtgag accatgacag gaggcgagc gcagagcatt 480
    ggaggaaggg gcaaggtgga acagtatatc ccagaagaag aagagaaaag gagaatccga 540
20  agggaaaagga ataagatggc tgcagccaaa tgcgcgaacc ggaggaggga gctgactgat 600
    acaactcaag cggagacaga ccaactagaa gatgagaagt ctgctttgca gaccgagatt 660
    gccaacctgc tgaaggagaa ggaaaaacta gaggttcatc tggcagctca ccgacctgcc 720
    tgcaagatcc ctgatgacct gggcttccca gaagagatgt ctgtggcttc ccttgatctg 780
    actggggggc tgccagaggt tgccaccccg gagtctgagg aggccttcac cctgcctctc 840
25  ctcaatgacc ctgagcccaa gccctcagtg gaacctgtca agagcatcag cagcatggag 900
    ctgaagaccg agccctttga tgacttcctg ttcccagcat catccaggcc cagtggctct 960
    gagacagccc gctccgtgcc agacatggac ctatctgggt ccttctatgc agcagactgg 1020
    gagcctctgc acagtggctc cctggggatg gggcccatgg ccacagagct ggagcccctg 1080
30  tgcactcccg tggtcacctg tactcccagc tgcactgctt acacgtcttc cttcgtcttc 1140
    acctaccccg aggtgactc cttccccagc tgtgcagctg cccaccgcaa gggcagcagc 1200
    agcaatgagc cttcctctga ctgcctcagc tcacccacgc tgcgtggcct gtgagggggc 1260
    agggaaaggg aggcagccgg caccacaag tgccactgcc cgagctggtg cattacagag 1320
    aggagaaaca catcttccct agagggttc tgtagaccta gggaggacct tatctgtgcg 1380
35  tgaaacacac caggctgtgg gcctcaagga cttgaaagca tccatgtgtg gactcaagtc 1440
    cttacctctt cgggagatgt agcaaacgc atggagtgtg tattgttccc agtgacactt 1500
    cagagagctg gtagttagta gcatgttgag ccaggcctgg gtctgtgtct cttttctctt 1560
    tctccttagt cttctcatag cattaactaa tctattgggt tcattattgg aattaacctg 1620
    gtgctggata ttttcaaatt gtatctagtg cagctgattt taacaataac tactgtgttc 1680
40  ctggcaatag tgtgttctga ttagaaatga ccaatattat actaagaaaa gatacgactt 1740
    tattttctgg tagatagaaa taaatagcta tatccatgta ctgtagtttt tcttcaacat 1800
    caatgttcat tgtaatgta ctgatcatgc attgttgagg tggctctgaat gttctgacat 1860
    taacagtttt ccatgaaaac gttttattgt gtttttaatt tatttattaa gatggattct 1920
    cagatattta tatttttatt ttattttttt ctaccttgag gtcttttgac atgtggaaag 1980
45  tgaatttgaa tgaaaaattt aagcattggt tgcttattgt tccaagacat tgtcaataaa 2040
    agcatttaag ttgaatgcga aaaaaaaaaa aaaaaaaga gggggaagca tgggggggtc 2100
    acc
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 975 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

DE 198 17 946 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29.

```

caccgaggag cccagagata ggtaccacta cctgcgcgtc aagggtgccc accggggggc 60
tgcacttctt cgttcccaag tcccgcgcatc gtccgcagct tgatgcactt ctctccgtac120
gagccctga gacttccacg ccatgttcca gcccttcctt gagatgatac acgaggctca180
gcaggccatg gacatccact tccacagccc ggccttcctt cagagtgatac caggaattcat240
acgagaaggc gacgatgacc ggactgtgtg ccgggagatc cggcacaact ccacgggctg300
cctgcggatg aaggaccagt gtgacaagtg ccgggagatc ttgtctgtgg actgttccac360
caacaacccc tcccaggeta agctgcggcg ggagctcgac gaatccctcc aggtcgtga420
gaggttgacc aggaataaca acgagctgct aaagtcctac cagtgggaaga tgctcaacac480
ctcctccttg ctggagcagc tgaacgagca gtttaactgg gtgtcccgaa tggcaaacct540
cacgcaaggc gaagaccagt actatctgcg ggtcaccacg gtggcttccc acacttctaa600
ctcggacgtt ccttccggtg tcaactgaggt ggtcgtaaag ctctttaact ctaatcccat660
cactgtaacg gtccctgtag aagtctccag gaagaaccct aaattgatgg agaccgtggc720
ggagaaaagc ctgcaggaat accgcaaaaa gcaccgggag gagtgagatg tggatgttgc780
ttttgcacct acgggggcat ctaagtccag ctcccccaa gatgagctgc agccccccag840
agagagctct gcacgtcacc aagtaaccag gccccagcct ccaggccccc aactccgccc900
agcctctccc cgctctggat cctgcactct aacactcgac tctgctgctc atgggaattg960
ctcctgcatg caact                                     975

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 3061 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

60

```

acggggatct caacggaaac tccagttctc tcaaggatct cctgcaatac ttcgaggcga 60
acctgaaaag ttaggtcagg cgttgactga agtctatgcc aaggccaata gcttcaccgt 120
ctcctctgtc gccgcccctt cctggcttca ccgtttcatc attggcaaga aagggcagaa 180

```

65

```

cctggccaaa atcactcagc agatgccaaa ggttcacac gagttcacag agggcgaaga 240
caagatcacc ctggagggcc ctacagagga tgtcaalytg gccaggaac agatagaag 300
catggtcaaa gatttgatta accgatgga ctatgtggag atcaacatcg accacaagtt 360
5 ccacaggcac ctcatggga agagcgggac caacataaac agaatacaag accagtacaa 420
ggtgtccgtg cgcattccctc ctgacagtga gaagagcaat ttgatccgca tcgaggggga 480
cccacagggc gtgcagcagg ccaagcgaga gctgctggag cttgcatctc gcatggaaaa 540
tgagcgtacc aaggatctaa tcattgagca aagatttcat cgcacaatca ttgggcagaa 600
gggtgaacgg atccgtgaaa ttcgtgacaa attcccagag gtcataatta actttccaga 660
10 cccagcacaa aaaagtgaca ttgtccagct cagaggacct aagaatgagg tggaaaaatg 720
cacaaaatac atgcagaaga tgggtggcaga tctggtggaa aatagctatt caatttctgt 780
tccgatcttc aaacagtttc acaagaatat cattgggaaa ggaggcgcaa acattaaaaa 840
gattcgtgaa gaaagcaaca ccaaaatcga ccttccagca gagaatagca attcagagac 900
cattatcatc acaggcaagc gagccaactg cgaagtggcc ggagcaggat tctgtctatt 960
15 cagaaagacc tggccaacat agccgaggta gaggtctcca tccctgccaa gctgcacaac1020
tccctcattg gcaccaaggg ccgtctgatc cgctccatca tggaggagtg cggcggggct1080
cacattcact tccccgtgga aggttcagga agcgacaccg ttgttatcag gggcccttcc1140
tcggatgtgg agaaggccaa gaagcagctc ctgcatctgg cggaggagaa gcaaaccagg1200
20 agtttcactg ttgacatccg cgccaagcca gaataccaca aattccctcat cggcaagggg1260
ggcggcaaaa ttcgcaaggt gcgcgacagc actggagcac gtgtcatctt ccttgcggct1320
gaggacaagg accaggacct gatcaccatc attggaaagg aggacgccgt ccgagaggca1380
cagaaggagc tggaggcctt gatccaaaac ctggataatg tgggtggaaga ctccatgctg1440
gtggacccca agcaccaccg ccacttcgtc atccgcagag gccaggcttt gcgggagatt1500
25 gctgaagagt atggcggggg gatggtcagc ttcccacgct ctggcacaca gagcgacaaa1560
gtcacctcta agggcgccaa ggactgtgtg gaggcagcca agaaacgcac tcaggagatc1620
attgaggacc tggaaagctca ggtgacatta gaatgtgcta taccacagaa attccatcga1680
tctgtcatgg gccccaaagg ttccagaatc cagcagatta ctcgggattt cagtgttcaa1740
attaaattcc cagacagaga ggagaacgca gttcacagta cagagccagt tgtccaggag1800
30 aatggggacg aagctgggga ggggagagag gctaaagatt gtgaccccg ctctccaagg1860
aggtgtgaca tcatcatcat ctctggccgg aaagaaaagt gtgaggctgc caaggaagct1920
ctggaggcat tggttcctgt caccattgaa gtagaggtgc cctttgacct tcaccgttac1980
gttatttggc gaaaggaag tgggatccgc aagatgatgg atgagtttga ggtgaacata2040
catgtcccgg cacctgagct gcagtctgac atcatcgcca tcacgggcct cgctgcaaat2100
35 ttggaccggg ccaaggctgg actgctggag cgtgtgaagg agctacaggc cgagcaggag2160
gaccgggctt taaggagttt taagctgagt gtcactgtag accccaata ccatcccaag2220
attatcggga gaaagggggc agtaattacc caaatccggt tggagcatga cgtgaacatc2280
cagtttcctg ataaggacga tgggaaccag ccccaggacc aaattaccat cacagggtac2340
40 gaaaagaaca cagaagctgc caggatgct atactgagaa ttgtgggtga acttgagcag2400
atggtttctg aggacgtccc gctggaccac cgcggttcag cccgcatcat tgggtgccgc2460
ggcaaaagcca ttcgcaaaat catggacgaa ttcaaggtgg acattcgctt cccacagagc2520
ggagccccag accccaactg cgtcactgtg acggggctcc cagagaatgt ggaggaagcc2580
atcgaccaca tcctcaatct ggaggaggaa tacctagctg acgtggtgga cagtgaggcg2640
45 ctgcaggat acatgaaacc cccagcacac gaagaggcca aggcacctc cagaggcttt2700
gtggtgcggg acgcacctg gaccgccagc agcagtgaga aggtccctga catgagcagc2760
tctgaggaaat tccccagctt tggggctcag gtggctccca agacctccc ttggggcccc2820
aaacgataat gatcaaaaag aacagaaccc tctccagcct gctgacccaa acccaaccac2880
acaatggttt gtctcaatct gaccagcggt ctggaccctc cgtaaatgtg tgacgtctt2940
50 ccccttccc gaggtccgca gggagcctag cgctggctg tgtgtgcggc cgctcgagca3000
tgcatctaga gggcccaatt cggcctatag tgagtcgtat tacaattcac tggccgtcga3060
t

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2592 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA.

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

```

ccggggcccc agtgaggagc tgctgcggca gtgggagcag cgggtgcagg agtcctgctc 60
cgtgtgcctg gccgggctag atggcttccg ccggcagcag caggaggaca gggagcggct 120
gcgagcgtatg gagaagctgc tggccccgct ggaggagcgg caacggcacc tcgcagggct 180
ggcgggtgggc cgcagcgccct gcaggaatgc tgctctccag agctgggccc gcgactggca 240
gagctggagc gcaggctgga tgtcgtggcc ggctcagtga cagtgtgtag tggcgggcga 300
ggcacagagc tgggaggagc cgcggggcag ggaggccacc cccagggcta caccagcttg 360
gcctcccgcc tgtctcgccct ggaggaccgc ttcaactcca ccctggggccc ttcgaggag 420
caggaggaga gctggcctgg ggctcctggg gggctgagcc actggctgcc tgctgcccgg 480
ggcgactag agcagttggg ggggtgctg gccaatgtga gcggggagct gggggggcgg 540
ttggatctgt tggaggagca ggtggcaggg gccatgcagg catgcccggca gctctgctct 600
ggggcccctg gggagcagga ctctcaagtc agcgagatcc tcagtccctt ggagcgcagg 660
gtgctggaca gtgaggggca gctgcggctg ttgggctccg gcctgcacac ggtggaagca 720
gcgggggagg cccggcaggc cacgctggag ggattacaag aggttgtggg ccggtctccag 780
gatcgtgtgg atgcccagga tgagacagct gcagagttca cactacggct gaatctcact 840
gcggcccggc taggccaaact ggaggggctg ctgcaggccc atggggatga gggctgtggg 900
gcctgtggcg gagtccaaga ggaactaggc cgcttccggg atggtgtgga gcgctgctcc 960
tgcccctgtg tgccctcctcg gggctcctgg gctggtccag gtgttggggg cccaagccgt 1020
ggggcccctg acggcttcag cgtgtttggg ggcagctcag gctcagccct gcaggccctg 1080
caaggagagc tctctgaggt tattctcagc ttcatgctcc tcaatgactc actgaatgag 1140
ctocagacca ctgtggaggg ccaggggcgt gatctggctg acctgggggc aaccaaggac 1200
cgtatcattt ctgagattaa caggctgcag caggaggcca cagagcatgc tacagagagt 1260
gaagagcgct tccgaggcct agaggaggga caagcacagg ccggccagtg cccagctta 1320
gagggcgcat tgggcccgtc tgagggtgtc tgtgaacggt tggacactgt ggctggggga 1380
ctgcagggcc tgcgcgaggg cctttccaga cacgtggctg ggctctgggc tgggctccgg 1440
gaaaccaaca ccaccagcca gatgcaggca gccctgctgg agaagctggt cgggggacag 1500
gcgggcctgg gcaggcggct ggggtgccctt aacagctccc tgcagctcct ggaggaccgt 1560
ctgcaccagc tcagcctgaa ggacctcact gggcctgcag gagaggctgg gccccaggg 1620
cctcctgggc tgcagggacc cccaggccct gctggacctc caggatcacc aggcaaggac 1680
gggcaagagg gcccctcgg gccaccagg cctcaagggt aacaggaggt ggagggggca 1740
ccagcagccc ctgtgcccc aagtggcatt tcagctgtc tgagtttgcc ccgtctgaa 1800
ccaggcacgg tccccttga cagagtcctg ctcaatgatg gaggtatta tgatccagag 1860
acaggcgtgt tcacagcgcc actggctgga cgctacttgc tgagcgcggt gctgactggg 1920
caccggcacg agaaagtga ggcctgtctg tcccgtcca accaggcgt gggcgcgta 1980
gactccgggt gctacgagcc tgagggcctg gagaataagc cgggtggcga gagccagccc 2040
agcccgggca ccctggcgct cttcagcctc atcctgccgc tgcaggccgg ggacacggtc 2100
tgctgcagcc tggctcatggg gcagctggcg cactcggagg agccgctcac catcttcagc 2160
ggggcccctg tctatgggga cccagagctt gaacacgct agactgggg cccgcccagc 2220
gtgtctacgt cggctgaaga gacagcgggg gcggcgggct cctggggtct cgctgagac 2280
ggggcaccta gccctggcg agcgcggcac ccggggccgc agcggcaccg cggccagagc 2340
ggcctctccc cagccccgg gcgcgcgggc tcagggaggg tcggggccgc ccatgcagac 2400
ttttggcctg gcgcgatccc ccaagaacct ctccagggcc ggctgcgga ggagccgatc 2460
ctgcaccct ccgtccctc cactggccct ccaggctgat tccctgggct ccaggctccc 2520
ccgcgggggc gccgcccacc gccatactaa acgatcgagg aataaagaca cttggttttt 2580
ctaaaaaaa ct 2592

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 884 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

```

30  tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttgggtgggg gatcacattt attgtattga 60
    ggtcacaggt caagtcattc actagtcccc actaggaggg gtggcaggga cagggtggg120
    ggtggtgggg cgagtcacca aggtgggggg cccaggaggg gcaagctcct ttacccatct180
    ttgaagcttg ttggggcctg ggaatgtgga ccagccccgc ctgggccccä gagcagggca240
    cgaagcccca caaaggtcct gccgccacag aggagggcaa cagagccaca ggcaggccca300
35  gaggggcggg tggacggcac tgcaggggct ggcttcattg cttcttgagg ttctctgcgc360
    ccatccagct agagctcgtc atggtcgtct tcggtgggtg cttcaggcgg tggctccggg420
    caggcggtcg gcgtcatcag ctccatgagg tactcgagc gactgggctc tgtggtgctg480
    gtcaccatgg tctctttccc gcacaggagg cgcacgggtg tggagcgggt ggggccctgc540
    cagcagcccg tgccttgctc atacttcatt gcaactgaact tgcgtgggtc ggggccaatc600
40  catgagcccc aggtgccaaag gctggtggga gagccccga gtttgggttt ctgcgagaca660
    agcttgaagg ggcagaggcg gtagacgtat tcgttgggtg tgagctcgta gcaactggctg720
    tacaggttaag caaactcccc gttggggcca aagtcaaaag aaatctcttg ctccagggtc780
    ctgatggact cctccatgct cttcagcgac cgctcggcct cctcgaactt gttgcggggc840
45  tcctgggagc ctgggagagg ggttggaggt cagctcgagc cggg
                                     884
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 493 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: _____

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

ttctagatcg cgagcggccg ctccgatcta gaactaggca agatggcaga agtagagcag 60
 aagaagaagc ggaccttcog caagttcacc taccgcgccg tggacctoga ccagctgctg120
 gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg tacagtgcgc gccaggggcg cggtgaacc180
 ggggcctgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgctc gcgcaaggcc aagaaggagg240
 cgccgcccac ggagaagccg gaagtgggtg agacgcacct gcgggacatg atcatcctac300
 ccgagatggt gggcagcatg gtggcgctct acaacggcaa gaccttgaac cagggtggaga360
 tcaagcccga gatgatcggg cactaactgg gcgagttctc catcaactac aagcccgtaa420
 agcatggccg ggccggcatt ggggccaccc acttctgccc gttgatccct gtgaagtaat480
 gggttagtaa ttt 493

10

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 913 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

50

gttccgcaat tgttcgggcc aaaagtctgg gaacccaccg ccaaggcctg tgctcgaacc 60
 gaaggcactt ccaaccaacc aaccgtgttc aaacttcccc cgtctcccca tccctgtccc120
 actcccacga acagtgcgct gaagcctacc ttcaagagcc cccattacga cctctcccag180
 ctgctgaaag gccacgggag gtgaggctct tcacatccca ttgggactcc atgctccttg240
 agaggagaaa tgcaataact ctgggagggg ctgcagaggg ctggtcctta tttatttaac300
 ttcaccogag ttctctggtg tttctaagca gttatggtga tgacttagcg tcaagacatt360
 tgctgaactc agcacattcg ggaccaatat atagtgggta catcaagtcc atctgacaaa420
 atggggcaga agagaaagga ctcagtgtgt gatccggttt ctttttgctc gcccctgttt480
 tttgtagaat ctcttcatgc ttgacatacc taccagtatt attcccagc acacatatat540
 atatgagaat ataccttatt tatttttggt taggtgtctg ccttcacaaa tgtcattgtc600
 tactcctaga agaaccaaat acctcaattt ttgtttttga gtactgtact atcctgtaaa660
 tatactctaa gcaggtttgt tttcagcact gatggaaaat accagtgttg ggtttttttt720
 tagttgcaa cagttgtatg tttgctgatt atttatgacc tgaaataata tttttcttct780
 tctaagaaga ctttttgtaa cataaggatg acttttttat acaatggaat aaattatggc840
 atttctattg aaaaaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaaaaaa gaggggggga gagaggagag900

55

60

65

gggggggggc ggt

913

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1917 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

```

35 agcttgagca gcagctgagc gccaaaaaca gcacactcaa acaactggaa gaaaaactca 60
aaggccaggc tgactatgaa gaggtgaaga aagagctgaa cattctgaag tccatggagt 120
ttgcaccatc cgagggcgct gggacacagg atgcggccaa gccctggag gtgctgtgc 180
tggagaagaa ccgctcgctg cagtcgaga acgcccgcgt gcgcattctc aacagcgacc 240
tgagcggacg ctgtgcggag ctgcaagtc gtatcactga ggctgtggcc acagccactg 300
40 agcagagaga gctgatcgcc cgccctggagc aggacctgag catcattcag tccatccagc 360
ggcccgatgc cgagggtgcc actgagcacc gcctggagaa gatcccagag cccatcaaag 420
aggccactgc cctattctac ggacctgcag caccagccag cgggtgccctc ccagagggcc 480
aggtggattc actgctttcc atcatctcca gccagaggga gcgcttccgt gcccggaacc 540
aggagcttga ggcgagaac cgctggccc agcacaccct ccaggccctg cagagtgaac 600
45 tggacagcct gcgcgcccgc aacatcaagc tctttgagaa gatcaagttc ctgcagagct 660
accctggccg gggcagcggc agtgatgaca cggagctgcg gtactcgtcc cagtacgagg 720
agcgcctgga ccccttctcc tccttcagca agcgggagcg gcagaggaag tacttgagct 780
tgagtccctg ggacaaggcc accctcagca tggggcgctc ggttctctcc aacaagatgg 840
cgcgccaccat cggcttcttc tacacactgt tcctgcactg cctggctctc ctggtgctct 900
50 acaagctggc atggagcgag agcatggaga gggactgtgc caccttctgc gccagaaggt 960
tcgctgacca cctgcacaag ttccacgaga atgacaacgg ggctgcggct ggtgacttgt 1020
ggcagtgata ccccggggcc tccccctga cagtgcggc tgcgcctcca ccccgactgc 1080
tcagtgcata taatcactta gactcccctg aagaatcccc catggaaaact gcccttatcc 1140
gctgtccagc agctgccaga ggccccaggt cacctcgggt ccccttgaaa gaatgtctcg 1200
55 gtcacatcag gcccgctagg tcacagagc gagccccaa tgcccgcca ggctaagccg 1260
cagagaccct ctcagcccc acctcaggtt agggctctgc ccgcagcctg acctctagcc 1320
ctggtggcag aggtccctca gctgcgagc taattgggtg accaccgatt ccagctgcgg 1380
ttaatccagc ttgggcctgt ctgactgcg atcctcttgg gctctcctag gggcccccca 1440
tgccccgtaa gaggtggaag acgcttcctt ccaggacagc aggccttgag tccagcacc 1500
60 ccagcctgcc ttgcccacca gccccacct gcagagtata tgaggcttga cagagtctgc 1560
cccccccc actgcacccc aagagagaga gccccagcca gcggaacagt ttctattacc 1620
ccctccctgc ccccagcccc atgtgatttc tgctttcttc tttagcaaga tattctggtt 1680
tctagataag gaagagtctc taatgagccc ccgagcccca gtctcttcag actcatggat 1740
tggctctgagg ggtctgaacg tctcctagcc aatcagaact ggctgtggac caccctagca 1800
65 cggccacctc tcagggccac tggcaggcct tcctgagtta gattttagt tgcatattta 1860
gctttgcaca ttgaaataa accacggttg cagccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1917

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 518 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

ggccagccct ggggcgcctt aaaaaccgga gctggcgctt ggcacgcga ctctgggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccocgaag ccatggcaag120
caagggcttg caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gccaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcagctcagc aagtgggtgga ccaggccaca gagcggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaaagacca cccaggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga300
caccttctct gggatcgga aaaaattcgg cctcctgaaa tgacagcagg gagacttggg360
tcggcctcct gaaatgatag caggagagact tgggtgacct cccttcagg cgccatctag420
cacagcctgg ccctgatctc cgggcagcca ccacctctc ggtctgcccc ctcattaaaa480
ttcacgttcc caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagtttttg 518

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 634 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

ctccccgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctacacacct caccgccccc 60
 10 gggcatagca ccatgcctgc ttgtgcctta ggcccgttag ccgcccgcct cctcctcagc120
 ctgctgctgt tcggttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
 cccgagctcc aggtgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
 gacaacctca agtgcctgag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
 gagggttctt gccccagggt gaacattaac ttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
 15 tgccagggtg acagccagtg tccctggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420
 gtgtcctgtg tcactcccaa ttcttgagct ccagccacca ccaggctgag cagtggagag480
 agaaagtctt tgctggccc tgcattctgt tccagccac ctgccctccc ctttttcggg540
 actctgtatt cctcttggg ctgaccacag cttctcctt tcccaacca taaagtaacc600
 actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaca aaaa 634

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 879 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

50

ctggcccata aataggggtc tctcagtgcc cctccgctcc tcttgccacc tccctcgctc 60
 tcccacacca ctggcaccag gccccggaca ccgctctgct tgcaggagaa tggctactca120
 tcacacgctg tggatgggac tggccctgct ggggtgtgct ggcgacctgc aggcagcacc180
 55 ggaggcccag gtctccgtgc agcccaactt ccagcaggac aagttcctgg ggcgctgggt240
 cagcgcgggc ctgcctcca actcgagctg gctccgggag aagaaggcgg cgttgtccat300
 gtgcaagtct gtggtggccc ctgccacgga tgggtggcctc aacctgacct ccaccttct360
 caggaaaaac cagtgtgaga cccgaaccat gctgctgcag ccgcggggt cctcggctc420
 ctacagctac cggagtcccc actggggcag cacctactcc gtgtcagtgg tggagaccga480
 60 ctacgaccag tacgcgctgc tgtacagcca ggcagcaag ggcctggcg aggacttccg540
 catggccacc ctctacagcc gaaccagac cccagggtg gagttaagg agaaattcac600
 cgcttctgct aaggcccagg gcttcacaga ggataccatt gtcttctgct cccaaaccga660
 taagtgcata acggaacaat aggactcccc agggctgaag ctgggatccc ggccagccag720
 gtgaccccca cgctctggat gtctctgctc tgttcttccc ccgagccct gccccggctc780
 65 cccgccaaag caccctgcc cactcgggct tcatcctgca caataaactc cggagcaag840
 tcagtataaaa aaaaaaaaaa gggaaagagg ggtgagggga 879

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2015 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

ctgagccgcc tgatttattc cgggtcccaga ggagaaggcg ccagaacccc gcgggggtctg 60
agcagccccc cgtgcccatt ccagcgcgccg cgtccccgca gcatgccgcg cccccgcctg 120
ctggccgcgc tgtgcggcgc gctgctctgc gcccccagcc tcctcgtcgc cctggatata 180
tggtccaaaa acccctgccca caacggtggt ttatgcgagg agatttccca agaagtgcga 240
ggagatgtct tcccctcgta cacctgcacg tgccttaagg gctacgcggg caaccactgt 300
gagacgaaat gtgtcgagcc actgggcatg gagaatggga acattgccaa ctacagatc 360
gccgcctcat ctgtgcgtgt gaccttcttg ggtttgcagc attgggtccc ggagctggcc 420
cgctgaacc gcgcaggcat ggtcaatgcc tggacaccca gcagcaatga cgataacccc 480
tggatccagg tgaacctgct gcggaggatg tgggtaacag gtgtggtgac gcagggtgcc 540
agccgcttgg ccagtcatga gtacctgaag gccttcaagg tggcctacag ccttaatgga 600
cacgaattcg atttcatacca tgatgttaat aaaaaacaca aggagtgtgt gggtaactgg 660
aacaaaaacg cgggtgcatgt caacctgttt gagaccctg tggaggctca gtacgtgaga 720
ttgtacccca cgagctgcca caccgctgc actctgcgct ttgagctact gggctgtgag 780
ctgaacggat gcgccaatcc cctgggcctg aagaataaca gcatccctga caagcagatc 840
acggcctcca gcagctacaa gacctggggc ttgcatctct tcagctggaa cccctcctat 900
gcacggctgg acaagcaggg caacttcaac gcctgggttg cggggagcta cggtaacgat 960
cagtggctgc aggtggacct gggctcctcg aaggagggtga caggcatcat caccagggg1020
gccgtaact ttggctctgt ccagtttgtg gcatcctaca aggttgccca cagtaatgac1080
agtgcgaact ggactgagta ccaggacccc aggactggca gcagtaagat cttccctggc1140
aactgggaca accactccca caagaagaac ttgtttgaga cgcccatcct ggctcgctat1200
gtgcgcatcc tgcctgtagc ctggcacaac cgcctgcgcc tgcgcctgga gctgctgggc1260
tgttagtggc cacctgccac ccccaggctc tcctgctttc catgggcccg ctgcctcttg1320
gcttctcagc ccttttaaat caccataggg ctggggactg gggaagggga ggggtgtcag1380
aggcagcacc accacacagt caccctccc tcctctttc ccaccctcca cctctcagg1440
gccctgcccc agccctaaag ccccgcccc taacccccag tcctcactgt cctgttttct1500
taggcactga gggatctgag taggtctggg atggacagga aaggggcaaag tagggcgtgt1560
ggtttcccctg cccctgtccg gaccgcgat cccagggtgc tgtgtctctg tctctcctag1620
cccctctctc acacatcaca ttcccatggg ggccctcaaga aaggcccgga agcgccagg1680
tggagataac agcctcttgc ccgtcggccc tgcgtcggcc ctgggggtacc atgtggccac1740
aactgctgtg gccccctgtc cccaagacac ttcccttgt ctccctggtt gcctctcttg1800
ccccttgtcc tgaagccag cgacacagaa gggggtgggg cgggtctatg gggagaaagg1860
gagcgagggtc agaggagggc atgggtgggc aggggtgggcg tttggggccc tctatgctgg1920
cttttcaccc cagaggacac aggcagcttc caaatatat ttatcttctt caccggaaaa1980

```

aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa

2015

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 732 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

```

35 aaaaaaaaaaag aaaagccaag caaaccaatg gtgatcctct attttgtgat gatgctgtga 60
   caataagttt gaaccttttt ttttgaaaca gcagtcaccag tattctcaga gcatgtgtca120
   gagtggttgtt ccgttaacct ttttgtaaact actgcttgac cgtactctca catgtggcaa180
   aatatggggt tttgaaagt tttttcttc gtccttttg tttaaaaagt ttcacgtctt240
   ggtgcctttt gtgtgatgcg ccttgctgat ggcttgacat gtgcaattgt gagggacatg300
40 ctcacctcta gccttaagg ggcagggag tgatgatttg ggggaggctt tgggagcaaa360
   ataaggaaga gggctgagct gagcttcggt tctccagaat gtaagaaaac aaaatctaaa420
   acaaaatctg aactctcaaa agtctatttt ttaactgaa aatgtaaatt tataaatata480
   ttcaggagtt ggaatgttgt agttacctac tgagtaggcg gcgatttttg tatgttatga540
   acatgcagtt cattattttg tggttctatt ttactttgta cttgtgtttg cttaaacaaa600
45 gtgactgttt ggcttataaa cacattgaat gcgctttatt gcccatggga tatgtggtgt660
   atatccttcc aaaaaattaa aacgaaaata aagtaaaaga aaaaaggaaa aaaactcaag720
   atagctcgtg cc                                     732

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 691 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

```
attgcagctg caaggtactc tgggtgagtc ccacttcagg gctttactcc gtaaacagat 60
tttggtggca ttgctctggg gtgggcagtt ttttgaaatg ggccaaccag aaaagccca120
gttcatgcag ctgtggcaga gttacagttc tgtggtttca tgtagttac cttatagtt180
ctgtgtaatt agtgccactt aatgtatgtt accaaaaata aatatatcta cccagacta240
gatgtagtat tttttgtata attggatttc ctaataactgt catcctcaaa gaaagtgagt300
gtatttgga ataaagtcag atggaaaatt cattttttta attcccgttt tgcactttt360
tctgataaaa gatggccata ttaccctttt tgggccccat gtatctcagt acccatgga420
gctgggctaa gtaaatagga attggtttca cgctgaggc aattagacac tttggaagt480
ggcataacct gtctcacctg gacttaagca tctggctcta attcacagt ctcttttctc540
ctcactgtat ccaggttccc tcccagagga gccaccagt ctcatgggtc gactcactc600
tctcttctct ccagctgact aaactttttt tctgtaccag ttaatttttc caactactaa660
tagaataaag gcagttttct aaacttctgt t                                     691
```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 579 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

55

```
gtcagatgag ctgattgggc agaaagtggc ccatgctctg gcagagggac tcgggagtaa 60
tgggcctgca attggggggg aggtttggtt ggaaggagg ttggatgact gagaaggttg120
ttttcgagca gacaaaggtc atcgagata acgtgaagga ctggagcaag gtcgtcctgg180
cctatgagcc tgtgtgggccc attggtactg gcaagactgc aacaccccaa caggcccagg240
aagtacacga gaagctccga ggtggctga agtccaacgt ctctgatgcg gtggtcaga300
gcacccttat catttatgga ggctctgtga ctggggcaac ctgcaaggag ctggccagcc360
agcctgatgt ggatggcttc cttgtgggtg gtgcttcct caagcccgaa ttcgtggaca420
tcatcaatgc caacaatga gcccatcca tcttgcttac ccttcctgcc agggcaggga480
ctaagcaggc gagaagccca gtaactgcct tttccctgca tatgcttctt gattggtgtg540
atgtgatgtc tttctgtggg cttaatgcaa agttgtatc                                     579
```

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 968 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

```

cccaccctcc ctaatttcca ctccccccac cccaattcgc ctgccgcggt cgggtccgcg 60
gcctgcgctg tagcggtcgc cgccgttccc tgaagtagc aacttcoccta ccccaccca120
gtcctgggtcc ccgtccagcc gctgacgtga agatgagcag ctccagaggag gtgtcctgga180
tttccctgggt ctgtgggctc cgtggcaatg aattcttctg tgaagtggat gaagactaca240
tccaggacaa atttaattctt actggactca atgagcaggt ccctcactat cgacaagctc300
tagacatgat cttggacctg gagcctgatg aagaactgga agacaacccc aaccagagt360
acctgattga gcaggcagcc gagatgcttt atggattgat ccacgcccgc tacatcctta420
ccaaccgtgg catcgcccag atgttggaag agtaccagca aggagacttt ggttactgtc480
ctcgtgtgta ctgtgagaac cagccaatgc ttcccattgg cttttcagac atcccagggt540
aagccatggt gaagctctac tgcccgaagt gcatggatgt gtacacacc aagtcataa600
gacaccatca cacggatggc gcctacttcg gcactgggtt ccctcacatg ctcttcattg660
tgcatcccga gtaccggccc aagagacctg ccaaccagt tgtgcccagg ctctacggt720
tcaagatcca tccgatggcc taccagctgc agctccaagc cgccagcaac ttcaagagcc780
cagtcaagac gattcgctga ttccctcccc cactgtcctt gcagtctttg acttttcctt840
tcttttttgc caccctttca ggaaccctgt atgggtttta gtttaaat aaggagtcgt900
tatcgtggtg ggaatatgaa ataaagtaga agaaaaggcc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa960
aaaaaaaaa
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1175 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

gccccgcccc cgtcagtcgt cgcggtgatt cactccctcc ttgcgccccg ggcccccttc 60
 ccggccagac ggcgggcaag acagctgggt gtacagegtc ctcgaaacca cgagcaagtg 120
 agcagatcct ccgaggcacc agggactcca gcccatgcc tggcggtatc tgagcgcttc 180
 tcggctcctg gctgctgggc cgcctgcacc aacttctcgc gcaactcga ggaatcttc 240
 ctggttgctg agattatatt atgcctgggt atcctgatct gcttcagtgc ctccacacca 300
 ggctactcct ccctgtcggg gattgagatg atccttgctg ctattttctt tgttgtctac 360
 atgtgtgacc tgcacaccaa gataccattc atcaactggc cctggagtga tttcttcga 420
 accctcatag cggcaatcct ctacctgac acctccattg ttgtccttgt tgagagagga 480
 aaccactcca aaatcgtcgc aggggtactg ggccctaatc ctacgtgcct ctttggtat 540
 gatgcctatg tcaccttccc cgctcggcag ccaagacata cagcagcccc cactgacccc 600
 gcagatggcc cgggtgtagg gaacttcctt catttctctc tgcaatctgc aaataactcc 660
 tccattgaaa taactcctcc ccacccaac aacaacattc ccagcagacc aactcccacc 720
 ccctctttga ggtaaaagt cctttattgg gagacttttg tcttcagcc tgccaatcaa 780
 ccctcctggg tgtggccacc atatgtgtgt gcctaggtcc tccttctgca cgatccaata 840
 ggagacacca gttctgactg aaccatgccc ccacctaatg cacaaaatga ggggaagtgg 900
 gagttagatt tcagagtcca ggccctaggt tgggacccac tccaaataat ctctcgggtg 960
 tgggtgggtg ttctatagag ggataaatga ataataaaca ttgttaaat atacgataat 1020
 gaataaagta atcctttcat caaatgtggg taaatttcaa gcatacaggag ggggaaatgg 1080
 agtggaaca gctggggcaa ggaggcaaag aagccaggcc tgttttaca caaatatta 1140
 ttacttcaat aatgcaaacg agagcccg tgcgg 1175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 851 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

5  acctgcacca ggagacactg ggaggtttag tccccaaacc cgcacagagc aggactgcag 60
   cctgaggaaa gagcaaggat ttcaggagag aggcctgcga caagtgcga ggaaataga 120
   acttaagaga aatacacact tcgagaaact gaaacgacag gggaaaggag gtctcactga 180
   gcaccgtccc agcatccgga caccacagcg gcccttcgct ccacgcagaa aaccacactt 240
   ctcaaaccct cactcaacac ttccttcccc aaagccagaa gatgcacaag gaggaacatg 300
10 aggtggctgt gctgggggca ccccccagca ccctccttcc aaggtccacc gtgatcaaca 360
   tccacagcga gacctccgtg cccgaccatg tcgtctggtc cctgttcaac accctcttct 420
   tgaactggtg ctgtctgggc ttcatagcac tcgcctactc cgtgaagtct agggacagga 480
   agatggttgg cgacgtgacc ggggccagc cctatgcctc caccgccaag tgctgaaca 540
   tctgggccct gattctgggc atcctcatga ccattggatt catcctgtta ctggtattcg 600
15 gctctgtgac agtctaccat attatgttac agataatata ggaaaaacgg ggttactagt 660
   agcgcgccat agcctgcaac ctttgacac cactgtgcaa tgctggccct gcacgtggg 720
   gctgttgccc ctgccccctt ggtcctgccc ctagatacag cagtttatac ccacacacct 780
   gtctacagtg tcattcaata aagtgcacgt gcttgtgaaa aaaaaaaaaa aaggaggggg 840
20 ggaaaaagg g 851

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1049 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

ctcgagccgt tttttttttt tattggtatt tgaatacatt tattgtgaca agaatgctgt 60
tataaatatt cataagcaaa ggccatcttt ttatctagga attgtcaaag agaagattcc 120
55 aaattggaag gatacatctt ttgtaaaatc tgccaccaat tcctgctttg agaataagca 180
   cctattgtaa aatttctact aacattataa atggtcacag cacatgccac ttgatacaat 240
   ccaaactttg aaatgtttga cttctcagtg ggtgtccct ctccactgca accccccttc 300
   ctccagcctc ctgaaacatc gcaactatct ttggttaagca attccatata gatagctggg 360
   ggaggaggag tataacctga ccatagcatc aggtacatca ggtacattta tttctaagt 420
60 ctaatagaga acagttttta ctgcttaata gtaagaagca ctgagagtga ttttaatcga 480
   cattcttaac tctttcaact ccacctagat agctagtatc tacagatgat gcagaaaaga 540
   ggtaggggga gtactttcca atagttttatt gtattttctt aaatattcct tctggaattt 600
   tcagaaacaa aacataaaaa aattatatac tttattacaa atggtaaaact cagagtgtc 660
   caaatctctt atttacaac aacactgggc aggataccca acaaaacaa caaataact 720
65 acaaaggcat gaagctgttt attgacagta atcagctttc atcaaattaa aaaatatata 780
   tatgtacata cacagttaac gaaggcaggc cagaaagagt tcattctgtg gctcagcctc 840

```

gctctcaciaa acctccctcc tgccgccct ccccaacct cccccgctt tgtgttctta 900
 aggagtacta cagaagcaat ctacagtctc tattgcagtt tgtaaccccc tccccctccc 960
 ccctttaata ctgaatgaga tcgaatgta ggtccatgca gttcttggtc aatgttaacg1020
 aaaaggtcca acgttccgtt cgcgcgggg 1049

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 1375 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48

35

aatacaactg ccttgtcccc atcctctact tcgccatcta gaaagccgc ctcataagtg 60
 aacgcttgac ttctcaaaaca gttaacctct aatgggactt gccttctgat tctcattcag 120
 gcttctcaag gcattcagca gcagcgttgc tgtaaccgac aaagacacct tcgaattaag 180
 cacattcctc gattccagca aagcacgcga acatgaccga aatgagcttc ctgagcagcg 240
 aggtgttggt gggggacttg atgtccccct tcgaccagtc ggggttgagg gctgaagaaa 300
 gcctaggtct cttagatgat tacctggagg tggccaagca cttcaaacct catgggttct 360
 ccagcgacaa ggctaaggcg ggctcctccg aatggctggc tgtggatggg ttggtcagtc 420
 cctocaacaa cagcaaggag gatgccttct ccgggacaga ttggatgttg gagaaaatgg 480
 atttgaagga gttcgacttg gatgcctgt tgggtataga tgacctggaa accatgccag 540
 atgaccttct gaccacgttg gatgacactt gtgatctctt tgcccccta gtccaggaga 600
 ctaataagca gccccccag acggtgaacc caattggcca tctcccagaa agtttaacaa 660
 aacccgacca gggtgcccc ttcaccttct tacaacctct tcccccttcc ccagggggtcc 720
 tgctctccac tccagatcat tcctttagtt tagagctggg cagtgaagtg gatatactg 780
 aaggagatag gaagccagac tacactgctt acgttgccat gatccctcag tgcataaagg 840
 aggaagacac cccttcagat aatgatagtg gcactctgat gagccagag tcctatctgg 900
 ggtctcctca gcacagcccc tctaccaggg gctctccaaa taggagcctc ccactctccag 960
 gtgttctctg tgggtctgcc cgtcccaaac cttacgatcc tccctggagag aagatggtag1020
 cagcaaaagt aaagggtgag aaactggata agaagctgaa aaaaatggag caaaacaaga1080
 cagcagccac taggtaccgc cagaagaaga gggcggagca ggaggctctt actggtgagt1140
 gcaaagagct ggaaaagaag aacgaggctc taaaagagag ggccgattcc ctggccaagg1200
 agatccagta cctgaaagat ttgatagaag aggtccgcaa ggcaaggggg aagaaaagg1260
 tcccctagtt gaggatagtc aggagcgtca atgtgcttgt acatagagtg ctgtagctgt1320
 gtgttccaat aaattatattt gtagggaaag taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1375

40

45

50

55

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

65

- (A) LÄNGE: 2443 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

```

tttttttttt tttttttttt tttatttttt ttttttatga atggaagcaa aactttatcc 60
ctcttggttg gagaagagaa ctagtgggtg gttgtgtaca ggacccccat ccctcaccac 120
tcccagaacc aaagaagaca agcagcgcca ccaaattggt ccctctgccc aagtgaagac 180
cgagaggtca gcggttggtt ggggagcgag gtgagcgag cagggcacag ggcagggcg 240
gctgcagtga caggcgggcg gccaggcgcg cctgggcccg ggttgagggg aagagggcg 300
ggctgcttgg gtacgggggc aggcttgggg gctgccggct ggcacggggc ccagactcag 360
ggcaccacaa cgcggtaggg gctgcctggg atgtgctcgt cccccattt gaccaccagt 420
gtgtactccc ccttgctcct gagcaggtag gacacgctgt agagccggct gccacgtgc 480
ttcaccagga tctctcgca gggggtcctt gggccatgaa cccccaccag cagcatgttg 540
ttgcctgctt tgctgcagtc tactgtgaag ctgctcttct ggctacgta ggccttgctc 600
agccccaggg ccttgggcac cacttgctg gcgtcagcag gccaggacc cggggcccca 660
tgctgggggg cacagggtgc cttggtcaga gactctacaa aactgatga tgtctcgttg 720
aggctgtggt tgctgacgag acgggggccc gtgactttgg ccttgaagg gctgccccca 780
atgtggtagg ggcggccgta cttgatggag atgaggtagc tgccaggtgc catgggggta 840
taggtgacgc ggtagccctc agggcactcc tggcaatcca tcttcacctt ggaggggccc 900
tcaatggtca cgcacagggc accagctccc gattgctcg tgttcacgac gaactcagct 960
gggttccctg tgacaccgcc ttccagacct gctccgtaag cagacacca gacctgggtcc 1020
cctccatgcc caggctcccc aactcggatc ttgaaggggc ttccagggat gtgggtgccg 1080
ttgaacttga cgtcaatcag gtaaacgcca ttctccgag ggatgaagcg cacagcatac 1140
ttatcttggt caatttctgt gacatagcac tctccaggg ctcctgagg gctgtgcacc 1200
ttggcatcga tcgccccctt ggccccgttc aggtgactg caaaagaggc tggctgggtg 1260
acctttagcc ctgactcctg aaggctagaa acagtgaggc ggcgggctgc gccagacgga 1320
gaagccacag gcaccacgaa ggggctgtcg ggaatgtgt cctcgttgaa cttgactgag 1380
acttcgtagt cacctggctc ctggaccaca taagccacac cacaggagcc gtccttgccg 1440
tcctcaaaag agatctcagc cttgctgggg ccctcgacag caatggccag gcctccagca 1500
ccagcttccc ggttccagat actgaattcg gctggcactc cagcttcagc tctctccagg 1560
ccagggcccc cagctcggac cttgtgggct ccccttccc ctaggggccc cagggtgaac 1620
tggaaggggc tcccaggcac gtgctggccc ttgtacttca cgtgactgt gtgtgtgcc 1680
atctcagcgg gaacaaagcg gatgcagtag gtgtggttct ccccttccac gatctcgcc 1740
tcattgggtc tgcccgatgg gctggtcacc tgggctgtca tatcctggat gctaatttca 1800
gggattttca ggtgaggtc acaatgacta ccaacgttgg cactgaagg agcccgacgc 1860
ctgcgggtga tgctctctt caccggccc tcgctgtca ccttcacaga gaaggggctg 1920
ccaggcacgt gctggtcggc aaacttgatg ttgatgatgt agttgcctgg ctctgtgggg 1980
cagtagggtga cctgcacgt cccgtctcc aggtcctctg tgttgatgtc cacttgctg 2040
gggccctcaa tggacaggct gagccacca tagcctgcat cgcgggtatc aatgataaac 2100
tctgcaggct caaaggtgtg gccttcgtga aggccctgac cagagaccgc aacacgactg 2160
gcattcccaa ttccgactg gctgatcacc accgggatgg ggctgctggc cactgctgg 2220
ccatttttct tcacatgcac caggtgctcc cccgtctcct tgggcacgaa tgaatcccc 2280
acgtggccat tacgcagccg cttcagcaaa cagggtcct cccggcccga gggcgggacc 2340

```

acagtggccg tcagcaggct gagatccgtc tctgagatgt tgatggggat gtcggcagca2400
gagccgacct ttaggtggga catacgcatg gagtccctac ctg 2443

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2693 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

gactacgtgg	agccagcca	gaacaccatc	tcctgaaga	tgatcccacg	catcgactac	60
gatcgacgca	aggcccgcat	gagcttgaaa	gactggtttg	ccaaaaggaa	gaagtttaag	120
cggcctccac	agaggctgtt	tgatgctgag	aagatcaggt	ccctgggggg	tgatgttgcc	180
tctgatggtg	acttcctcat	ctttgagggg	aaccgttaca	gccggaaggg	ctttctgttc	240
aagagcttcg	ccatgtctgc	tgtgatcacg	gaggggtgta	agccaacact	ctctgagctg	300
gaaaagtgtg	aggaccagcc	agagggcatt	gacctggagg	tggtgactga	gagcacaggg	360
aaggagcggg	agcacaactt	ccaacctggg	gacaacgttg	aggtctgtga	gggtgagctc	420
atcaacctgc	agggcaagat	cctcagcgtg	gatggcaaca	agatcaccat	catgccccag	480
catgaggacc	tcaaggacat	gttggagttc	ccagcccagg	aacttagaaa	atacttcaag	540
atgggggacc	acgtgaagg	gattgctggc	cgattcgagg	gcgacacagg	cctcattgtg	600
cgggtggagg	agaatttcgt	tatcctgttc	tctgacctca	ccatgcatga	gctgaaggtg	660
ctcccccg	acctgcagct	ctgctcagag	acagcatcag	gtgtggatgt	tgggggccag	720
catgaatggg	gcgagctgg	gcagctggat	ccccagactg	tggtgtcat	cgtgcgacta	780
gaacgggaga	cottccaggt	gctgaacatg	tacgggaagg	tggtgactgt	cagacatcag	840
gctgtgacct	ggaagaagga	caaccgcttt	gctgtggcct	tggtactcaga	gcagaacaac	900
atccatgtga	aagacatcgt	taaggtcatt	gatggccccc	actcaggccg	agaaggggag	960
attcgccatc	tcttcggaag	cttcgccttc	ctacattgca	agaaactggt	ggagaacggg	1020
ggcatgtttg	tctgcaagac	ccgccacctg	gtgtgtggctg	ggggctcaaa	gccccgtgat	1080
gtgaccaact	tcacctggg	tggttttgcg	cctatgagtc	cccggatcag	cagccccatg	1140
caccccagtg	ctggagggtca	gcgtggcggc	tttggtagcc	caggtggcgg	cagtgtgtggc	1200
atgagcaggg	gccggggccg	gagggacaac	gaactcatcg	gccagaccgt	gcgcatctcc	1260
cagggggcct	acaaaggcta	catcgtgtgtg	gtgaaagatg	ccacagagtc	cacggcccgt	1320
gtggagctgc	actccacctg	ccagaccatc	tctgtggacc	gtcagcggct	caccacgggtg	1380
ggctcacggc	gcccggggcg	catgacctcg	acctatggga	ggacgcccac	gtatggctcc	1440
cagacgccc	tgtatggctc	tggtcccga	acacccatgt	acggctcaca	gacccccctc	1500
caggatggta	gccgcacccc	acactacggc	tcacagacgc	ccctgcatga	tggcagccgc	1560
actcctgccc	agagtggggc	ctgggacccc	aacaacccc	acacgcccgc	acgggtgag	1620
gaagaatatg	agtatgcttt	cgatgatgag	cccaccccgt	ccccgaggc	ctatggggga	1680
acccccaatc	cccaaacc	tggtaccca	gacccctcgt	ccccacaggt	caaccacaa	1740
tacaaccgc	agacgccagg	gacgcccggc	atgtacaaca	cagaccagtt	ctctccctat	1800
gcggggccct	ccccacaagg	ttcctaccag	cccagcccca	gccccagag	ctaccaccag	1860

gtggcgccaa gccagcagg ctaccagaat acccaactcc cagccagcta ccaccctaca1920
 ccgtcgccca tggcctatca ggctagcccc agcccgagcc ccgttggcta cagtcctatg1980
 acacctggag ctccctcccc tgggtggctac aaccacaca cgccaggctc aggcacag2040
 5 cagaactcca gcgactgggt aaccactgac attcagggtga aggtgcggga cacctacctg2100
 gatacacagg tgggtgggaca gacaggtgtc atccgcagtg tcacgggggg catgtgctct2160
 gtgtacctga aggacagtga gaaggttgtc agcattttcca gtgagcacct ggagcctatc2220
 acccccacca agaacaacaa ggtgaaagt atcctgggag aggatcggga agccacgggc2280
 gtcctactga gcattgatgg tgaggatggc attgtocgta tggacctga tgagcagctc2340
 10 aagatcctca acctccgctt cctggggaag ctccctggaag cctgaagcag gcagggcggg2400
 tggacttctg cggatgaaga gtgatcctcc ttccctccct ggcccttggc tgtgacacaa2460
 gatcctcctg cagggttagg cggattgttc tggatttcct tttgtttttc ctttttagtt2520
 tccatctttt cctccctgg tgctcattgg aatctgagta gagtctggg gaggggtccc2580
 accttcctgt acctcctccc cacagcttgc ttttgttgta ccgtctttca ataaaaagaa2640
 15 gctgttttgg ctaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2693

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 877 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

taaattcgcg gccgctcgac tttttttttt tttttttttt agctctctta gaaattttat 60
 tggctcctgga gaaaggaagg caaactctgc ctcccgctca gagtcccccc aaccctcact120
 50 gtttcccggt gccattgatg gggaggttca cgtactcagg ggaggccagg aaggccttga180
 gcttggggcg ggcactgagg cgccccacat atgctgagag cagggggaac gcatccaggc240
 agccaggggc taggacctca tggatcagca gcaagtccag cagggtttag tcagcgaagg300
 agatctggtc tccacaatg aaggtcttgc ctccctggtt ctgggacagc agggctctaa360
 aaggcttcag ttgcccgggc agtgccctca catagtcac cttgcccggc tcatagttgg420
 55 tgtagatgag ggagatgtat ttgcagcgga ggtcctccac gccgtcatc accatgtcca480
 ccagggtctgc ctccctgctg tccttcccat agagcccaag ggtgcggccc aggtgacgca540
 ggatggtatt ggactggtac aggggtgagg ctccgtcctg gaacttgggg agctgcccg600
 ataggcagga ggcctttagt gagccctcct gccacgtctc caggtcacc acctcctcct660
 tccagctctg gccctgatct gccagcagca tgcgcagggc cgcgacgagg cctcgaactg720
 60 ggaaatagac cagggttagt ggcggcatgg tggcgaagac tgcggcgagg aaactccagc780
 gaaagcctcg cggcctccga gccttataag ggtggtccc ccccgctccg cccagtgct840
 gagtcacggc gccggccgct cttctggagg gtccgcg 877

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 548 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```
ccctctctct cagcgctctc ttctctacaa ccctctctcc tcagcgcttc ttctttcttg 60
gtttgatcct gactgctgtc atggcgtgcc ctctggagaa ggccctggat gtgatgggtgt120
ccaccttcca caagtactcg ggcaaagagg gtgacaagtt caagctcaac aagtcagaac180
taaaggagct gctgaccggg gagctgccca gcttcttggg gaaaaggaca gatgaagctg240
ctttccagaa gctgatgagc aacttgagca gcaacaggga caacgagggtg gacttccaag300
agtactgtgt ctctctgtcc tgcacgccca tgatgtgtaa cgaattcttt gaaggcttcc360
cagataagca gcccaggaag aaatgaaaac tctctctgat tggttggggg gtctgccagc420
tggggccctc cctgtcgcca gtgggcactt ttttttttcc accctggctc cttcagacac480
gtgcttgatg ctgagcaagt tcaataaaga ttcttgggaag ttttaaaaaa aaaaaaaaaa540
aaaaaaaaa                                     548
```

30

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1221 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

```

5  tggaagcata aatggggagg ggagagccca ctgggtagaa ggaacagga gcgccagga 60
   tctgctgctg gcaactgccg tcctggcgag ccgcgcctac gcgccctcg cccagggcca 120
   ggccctgcag cgagtgggca tcgttggggg tcaggaggcc cccaggagca agtggccctg 180
   gcagggtgagc ctgagagtcc acggcccata ctggatgcac ttctgcggg gctccctcat 240
   ccacccccag tgggtgctga ccgcagcgca ctgcgtggga ccggacgtca aggatctggc 300
10  cgccctcagg gtgcaatgcg ggagcagcac ctctactacc aggaccagct gctgccggtc 360
   agcaggatca tcgtgcaccc acagttctac accgccaga tcggagcgga catcgccctg 420
   ctggagctgg aggagccggt gaaggtctcc agccacgtcc acacggtcac cctgccccct 480
   gcctcagaga ccttcccccc ggggatgccg tgctgggtca ctggctgggg cgatgtggac 540
   aatgatgagc gcctcccacc gccatttct ctgaagcagg tgaaggtccc cataatggaa 600
15  aaccacattt gtgacgcaaa ataccacctt ggcgccata cgggagacga cgtccgcata 660
   gtccgtgacg acatgctgtg tgccgggaac acccgaggag actcatgcca gggcgactcc 720
   ggaggggccc tgggtgtgca ggtgaatggc acctggctgc aggcgggcgt ggtcagctgg 780
   ggcgagggtc gtgccagcc caaccggcct ggcatctaca cccgtgtcac ctactacttg 840
   gactggatcc accactatgt ccccaaaaag ccgtgagtca ggccctgggt ggccacctgg 900
20  gtcactggag gaccaacccc tgctgtccaa aacaccactg ctctctaccc aggtggcgac 960
   tgccccccac accttccctg ccccgctcct agtgcccctt cctgtcctaa gcccctgct1020
   ctcttctgag ccccttcccc tgtcctgagg acccttcccc atcctgagcc cccttccctg1080
   tcctaagcct gacgcctgca ccgggccctc cgccctccc ctgcccagga agctggtggt1140
25  gggcgctaata cctcctgagt ctggacctc attaaagtgc atggaaatca aaaaaaaaaa1200
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1221

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 252 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

```

60  cagtacagag cgggacaggg tgctgccggc acagggtga ccacagagca catcaaaaga 60
   ggccccactg ctcatgtggg cgtggaggac gaggaggagg ccgtccacga gcaatgccag120
   catgagagag acaggcaggc caggccagga cgaggaggga ggcgggcatg tcccagagcg180
   cgaacaggag tgggtctcagc tgaagctcga ggcctgactg atgagacgag gcttgggatg240
   tccagagcag ac 252

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 733 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

gcgtcgacgg aggttgagac cagcctgacc aacatgatgt aaaaccccat ctctactaaa 60
aatacaaaaa aattggctgg gtgtgggtgt ggtgacctgt agttccagct gctcaagagg120
ctgaagcaca agaatcgctt gaaccagga ggtggaggtt ggagtgaagg aagatcaagc180
tactgcactc tccagcctgg gctacagagt gagactctca aaaaaaagaa ataataataa240
taagacaaaa gagacaaggt ctccaggctg gtcaactcct ggcctcaaat gatcctccca300
cctcagcctc ccaagcagcc gggactacag gcaaactca ccatgtccag ctgtccccag360
ctttctaatac tgggtctttct cttgccccag aacctcaaga aggcataaag ccagccccctg420
cagtgcctgc caccgccttc tctgggctg cctgtggctc tgttgccctc ctctgtggcg480
gcaggacctt tgtggggctt cgtgccctgc tctggggccc aggcggggct ggtccacatt540
cccaggcccc aacagccttc aaagatgggt aaaggagctt gccctccctg ggccccccac600
cttggtgact cgccccacca ccccccagccc tgtccctgcc acccctccta gtgggggacta660
gtgaatgact tgacctgtga cctcaatata ataatgtga tccccaccc aaaaaaaaaa720
aaaaaaaaaa aaa 733

30

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 720 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

10 cttctcccggt tttcttttttt tcttttttttt ctttttttttt tttttttttta aatttgacca 60
 aaaaaaatttt attgtacaat taccacccac tggatttgac tcagagagga cccccagagg120
 gtgtctccat cttccctatt tattttcagc ccttgagggc ttcattgtag atcaaagcca180
 15 agggcccccag gaaggtgaca tactcctgga agttcacctc ctggtccttg ttccgggtcca240
 agtctttccat cagccttgca atttcagcat cctgcagctt cgagccaatg gtgagctcct300
 tctggatcag ctctttcagc tccttcttgc tcagggtgtg cttgtcacc tccctgccgg360
 agtactttgtg gaagatggcc acgaggaggc caatggcctg atccaggggg catgccatgg420
 ctgaggggctg ggcttggagc ggtagggagg cgcccaaag cgacgcgagc ggtcgagggg480
 atgggctgtg tcgcagtcag actggcctta tagcgggtcgg tgccccggag gccagctcgg540
 20 ccaagcccac ccgcccgc caagtccgc ccgcccga ccctgcgcg tggcttacac600
 aacgcacatt cgcggtttac cccctcgact ttccacgcct cctgcccggg gctgttccgg660
 gttaggacgg gatgggggag ccagcagtg cccactgcac gcctggtgac gagtctcccc720

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2124 Basenpaare

30 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

55 caaacacgag ggtcagctga tccggcccaa ctgcggcgct acccggtat aagcgcacgg 60
 cctcggcgac cctctccgac ccggccgcgc ccgcatgca gccctccagc cttctgccgc 120
 tcgcccctctg cctgctggct gcacccgcct ccgcgctcgt caggatcccg ctgcacaagt 180
 tcacgtccat ccgcccggac atgtcggagg ttgggggctc tggaggagac ctgattgcca 240
 aaggcccccgt ctcaaagtac tccaggcggt tgccagccgt gaccgagggg cccattcccg 300
 60 aggtgctcaa gaactacatg gacgcccagt actacgggga gattggcatc gggacgcccc 360
 cccagtgtct caccagtcgt ttcgacacgg gtcctccaa cctgtgggtc ccctccatcc 420
 actgcaaaact gctggacatc gcttgcctga tccaccacaa gtacaacagc gacaagtcca 480
 gcacctacgt gaagaatggt acctcgcttg acatccacta tggctcgggc agcctctccg 540
 ggtacctgag ccaggacact gtgtcgggtc cctgccagtc agcgtcgtca gcctctgcc 600
 65 tgggcgggtgt caaagtggag aggcaggtct ttggggaggc caccaagcag ccaggcatca 660
 ccttcacgcg agccaaagtc gatggcatcc tgggcatggc ctacccccgc atctccgtca 720

```

acaacgtgct gccgtcttc gacaacctga tgcagcagaa gctggtggac cagaacatct 780
tctccttcta cctgagcagg gaccagatg gcgagcggg ygtgagctga tgctgggtgg 840
cacagactcc aagtattaca aggtttctct gtccatacctg aatgtcacc gcaaggccta 900
ctggcaggtc cacctggacc aggtggaggt ggcagcggg ctgacctgt gcaaggagg 960
ctgtgaggcc attgtggaca caggcacttc cctcatgttg ggcccgttg atgaggtgcg1020
cgagctgcag aaggccatcg gggccgtgcc gctgattcag ggcgagtaca tgatcccctg1080
tgagaagggtg tccacctgct ccgcgatcac actgaagctg ggaggcaaag gctacaagct1140
gtccccagag gactacacgc tcaaggtgtc gcaggccggg aagaccctct gectgagcgg1200
cttcatgggc atggacatcc cggcaccag cgggccaactc tggatcctgg gcgacgtctt1260
catcgccgcg tactacactg tgtttgaccg tgacaacaac aggttgggtc tcgccgaggc1320
tgcccgctc tagttcccaa ggctccgcg cgccagcaca gaaacagagg agagtcccag1380
agcaggaggc ccctggcca gcggccctc ccacacacac ccacacactc gccgcccac1440
tgtcctgggc gccctggaag ccggcggccc aagcccagct tgctgtttt ttctgtggtt1500
ttcccctccc tgggttcaga aatgtgcct gctgtctgt ctctccatct gtttgggtgg1560
ggtagagctg atccagagca cagatctgtt tctgtcattg gaagaccca ccaagcttg1620
gcagccgagc tctgttatcc tggggtccc ttcactcca gggagtcccc tcccggcccc1680
taccagcgcc cgtgtggctg agccctacc ccacaccagg ccgtcctccc ggccctccc1740
ttgaaaacct gccctgcctg agggccctc tgcccagctt gggcccagct gggctctgcc1800
accctacctg ttcagtgtcc cgggcccgtt gaggatgagg ccgctagagg cctgaggatg1860
agctggaagg agtgagaggg gacaaaaccc acctgttg agcctgcagg gtggtgctgg1920
gactgagcca gtcccagggg catgtattgg cctggagggt ggggtgggat tgggggctgg1980
tgccagcctt cctctgcagc tgacctctgt tgtctcccc ttgggcgggt gagagcccca2040
gctgacatgg aaatacagtt gttggcctcc ggccctccc caaaaaaaaa aggagaaaag2100
aaaaaggcgg ccgcccacta gtga 2124

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 928 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

cggacgggtg ggcctgctg gcctcccctt acagtgttg ttccggggcgc tccgctggct 60
tcttgacaa ttgcgcatg tgtgtgctc ggctagcggc ggcgggggcc cagtcggtgt120
atgccttctc ggcgcgccc ctggccggcg gggagcctgt gagcctgggc tccctgcggg180
gcaaggtagt acttatcgag aatgtggcgt cctctgagg caccacggtc cgggactaca240
cccagatgaa cgagctgcag cggcgccctc gaccccggg cctggtggtg ctggcttcc300
cgtgcaacca gtttgggcat caggagaacg ccaagaacga agagattctg aattccctca360
agtacgtccg gcctgggtgt gggttcgagc ccaacttcag gctcttcgag aagtgcgagg420
tgaacggtgc gggggcgcac cctctcttcg ccttctgctg ggaggccctg ccagctccca480
gcgacgagcg caccgcgctt atgaccgacc ccaagctcat cacctggtct ccggtgtgtc540

```

gcaacgatgt tgcctggaac tttagagaagt tcctgggtggg ccctgacggt gtgcccttac600
gcaggtacag ccgcgcgttc cagaccattg acatcgagcc tgacatcgaa gccctgctgt66C
ctcaagggcc cagctgtgcc tagggcgccc ctccctacccc ggctgcttgg cagttgcagt720
5 gctgctgtct cggggggggt ttcatctatg aggggtgttc ctctaaacct acgagggagg780
aacacctgat cttacagaaa ataccacctc gagatgggtg ctgggtcctgt tgatcccagt840
ctctgccaga ccaaggcgag tttcccact aataaagtgc cgggtgtcag cagaaaaaaa900
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 928

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 297 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

40 gggcggtgag aagccatgag cagcaaagtc tctcgcgaca ccctgtacga ggcggtgcgg 60
gaagtcctgc acgggaacca ggcgaaggcg cgcaagttcc tgggagacgg tggagttgca120
gatcagcttg aagaactatg atccccagaa ggacaagcgc ttctggggca ccgtcaggct180
ttaagtccca ctttcccggc ccctaaagtt tctctgtgtg gtggtcctgg gggggaccca240
45 gcgagccaac tgtggacgga gggctaaagg cccgttgga ataatcccc ccaacat 297

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1837 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

agcaggaggt tttcaaccta gtcacagage agcacctacc cctctctcct ttccacacct 60
gcaaactctt ttacttgggc tgaatattta gtgtaattac atctcagctt tgagggtctc 120
tgtggcaaat tcccggatta aaaggttccc tggttgtgaa aatacatgag ataaatcatg 180
aaggccacta tcatcctcct tctgcttgca caagtttccct gggttggaac gtttcaacag 240
agaggcttat ttgactttat gctagaagat gaggttcttg ggataggccc agaagttcct 300
gatgaccgag acttcgagcc ctccctaggg ccagtgtgcc ccttcgctg tcaatgccat 360
cttcgagtgg tccagtgttc tgatttgggt ctggacaaag tgccaaagga tcttccccct 420
gacacaactc tgctagacct gcaaaacaac aaaataaccg aaatcaaaga tggagacttt 480
aagaacctga agaaccttca cgcattgatt ctgttcaaca ataaaattag caaagttagt 540
cctggagcat ttacaccttt ggtgaagttg gaacgacttt atctgtccaa gaatcagctg 600
aaggaattgc cagaaaaaat gcccaaaact ctccaggagc tgcgtgccca tgagaatgag 660
atcaccaaag tgcgaaaagt tactttcaat ggactgaacc agatgattgt catagaactg 720
ggcaccatc cgctgaagag ctccgaatt gaaaatgggg ctttccaggg aatgaagaag 780
ctctcctaca tccgcatttg tgataccaat atcaccagca ttccctcaagg tcttctcctc 840
tcccttacgg aattacatct tgatggcaac aaaatcagca gagttgatgc agctagcctg 900
aaaggactga ataatttggc taagtggga ttgagtttca acagcatctc tgctgttgac 960
aatggctctc tggccaacac gcctcatctg agggagcttc acttggaaca caacaagctt 1020
accagagtac ctggtgggct ggcagagcat aagtacatcc aggttgtcta ccttcataac 1080
aacaatatct ctgtagttag atcaagtgc ttctgcccac ctggacaca caccaaaaag 1140
gcttcttatt cgggtgtgag tcttttcagc aaccggtcc agtactggga gatacagcca 1200
tccaccttca gatgtgtcta cgtgcgctct gccattcaac tcggaaacta taagtaattc 1260
toaagaaagc cctcattttt ataacctggc aaaatcttgt taatgtcatt gctaaaaaat 1320
aaataaaagc tagatactgg aaacctaaat gcaatgtgga tgttttacct acatgactta 1380
ttatgcataa agccaaatct ccagtttaag taattgccta caataaaaag aaattttgcc 1440
tgccattttc agaatcatct tttgaagctt tctgttgatg ttaactgagc tactagagat 1500
attcttattt cactaaatgt aaaatttggg gtaaatatat atgtcaatat ttagtaaaagc 1560
ttttcttttt taatttccag gaaaaataa aaagagtatg agtcttctgt aattcattga 1620
gcagttagct catttgagat aaagtcaaat gccaaacact agctctgtat taatcccat 1680
cattactggt aaagcctcat ttgaatgtgt gaattcaata caggctatgt aaaattttta 1740
ctaattgcat tattttgaaa aaataaattt aaaaatacat tcaaaattaa aaaaaaaaaa 1800
aagaggagaa gaaaaagggg aaaaaaagg gggtagag 1837

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1346 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55
 60

```

cggctccggg cagccagcgc aggggcttct gctgaggggg caggcggact tgaggaaacc 60
gcagataagt ttttttctct ttgaaagata gagattaata caactactta aaaaatatag 120
tcaatagggt actaatat tgcttagcgt taagttttta acgtaatttt aatagcttaa 180
gattttaaga gaaaatatga agacttagaa gagtagcatg aggaaggaaa agataaaaagg 240
tttctaaaac atgacggagg ttgagatgaa gcttcttcat ggagtaaaaa atgtatttaa 300
aagaaaattg agagaaagga ctacagagcc ccgaattaat accaatagaa gggcaatgct 360
tttagattaa aatgaagggt acttaaacag cttaaagttt agtttaaaaag ttgtagggtga 420
ttaaaataat ttgaaggcga tcttttaaaa agagattaaa ccgaagtgat taaaagacct 480
tgaaatccat gacgcaggga gaattgcgtc atttaaagcc tagttaacgc atttactaaa 540
cgcagacgaa aatggaaaaga ttaattggga gtggtaggat gaaacaattt ggagaagata 600
gaagtttgaa gtggaaaact ggaagacaga agtacgggaa ggcaagaaa agaatagaga 660
agatagggaa attagaagat aaaaacatac ttttagaaga aaaaagataa atttaaacct 720
gaaaagttag aagcagaaga aaaaagacaa gctaggaaac aaaaagctaa gggcaaatg 780
tacaacatta gaagaaaatt ggaagataga aacaagatag aaaatgaaaa tattgtcaag 840
agtttcagat agaaaatgaa aaacaagcta agacaagtat tggagaagta tagaagatag 900
aaaaatataa agccaaaaat tggataaaat agcactgaaa aaatgaggaa attattggta 960
accaatttat tttaaaagcc catcaattta atttctggtg gtgcagaagt tagaaggtaa1020
agcttgagaa gatgagggtg tttacgtaga ccagaaccaa tttagaagaa tacttgaagc1080
tagaagggga agttggttaa aaatcacatc aaaaagctac taaaaggact ggtgtaattt1140
aaaaaaaact aaggcagaag gcttttgga gagttagaaa agaatagaga agatagggaal200
attagaagat aaaaacatac ttttagaaga gaaaagataa atttaaacct gaaaagtagg1260
ccctgcagtc ctactacagt ctgggggtgg gtcctaagag gaggggtccc acctcagccc1320
ctgtcagggt ccactggggg gggggg                                     1346
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 251 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

65
 60

```

ggagccgcag ggcccgtagg acgcccatgg gcgccagcc cggaatggca tggctctgaa 60
  
```


gccccacttt ccacaaggac tggcagcggc gcgtygccac gtggttcaac cagccggccc120
 gtaagatccg cagacgtaag gcccggaag ccaaggcgcg cgggatcgcc cgcggccgc180
 gtggggtccc atgcgggcca tgggtgcgctg cccaagggtt tgggtaccaca cgaagggtggc240
 gccggccgcg g 251

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

10

- (A) LÄNGE: 257 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 63:

30

KNLSQLEPRE NAKEEVKER GMGWVAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLPRR 60
 RSPASPRSAH LHHLGGLLEHF HLALADLLDV EGEWHLVDR GLGARVHHVV GREGFAQLVP120
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLGTHLG LLHLLLGEG180
 LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSSS PSFSGSASDS240
 FSDLLMLS LA GSFTSSW 257

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

- (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 64:

KSRRCQRRR ARSWARSGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60
 EGLLQGEDGE DQAYPREPG EDAPDQGGK GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
 AGQVAQILHA RPRGVRALQD RGLQGATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHDRDGG GGRSGGRPAT180
 CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

65

(A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 65:

GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEEPSGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120
QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRRR WRRPRCVPAR240
TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 66:

GEGRVWNPEG SKSRHWPDPH APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60
IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 67:

GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60
PQGSSEPILS PARISSMHFG HAFHISRNK 89

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 68:

DVLDLNLWDG ESSMTGTRGE FSCLEFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 69:

LGSRRQKGP GRMTAQLVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQPRL CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLPRSVL 118

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

65

- (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 70:

READPVARTA SAGSKTRRNP NQNGWRLVGP GSYSSSLGRE PGPGPSSSPG LSAHDGTQVR 60
 VHAGFCLGLH PSGAPRPQGG SRGRHQAPSY TGSSAPPPGA GVAEGDPGFS RGHWGTVRYS120
 PRLFSGGSPT GMGGSDSGGS QGHLEP 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 71:

QDASGKVTLG RGGCNLPPAR AQGPQRVSCN NAGPERTQPG TFPFLAGARS SSHRRGFSPD 60
 GRLTQLPAQP RLVAKLGETR TRTDGGSWGP AATPLRWAEN QGLGRHPPRA FLLTTGPKSG120
 SMQGSAAWAST PAGPPDPRAK AVGGTKPRAT RGHLHHPLGQ GWLRGTLVSP EDTGGL 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 17 946 A 1

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 72:

KMRKLRLREV KYLAQGHTAR IFHLTQIKKV RKQDFQKEAQ HFRLLAGPHE GHWNVFLAQT60
LELKVTASPD KVTKT 75

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

15

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 73:

35

VQNIYPPKP QTNLRRFAPG NTEASDLVEI YLWKLKDEE TEAQRGEVPG PRPHSONLPL 60
DSDQESQEAR LPERGTALEPT ARWPPRRSLE RLPSPDPGAE GHGQSRQSDQ DITKT 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

40

(A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 74:

60

EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSGCV ALGQVLHLSE PQFPHLLPAS60
RGRSPSPRP RCSQGQSDGG WSGALGDTGC FGR 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

65

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 75:

RPRPWESAQR RGVAAGPHEP PSQLVVRVSPS FATSRCAGN WVSLPSGEKP RLWDEDRAPA 60
REGKVPQCVL SGPALLQDTR WGPCALAGGR LQPPRPNTF THSLSSCPPV TPSPSPSSH120
HPFRSARAFP EASCDSEGRD TSLRGRPHGV TRPAPMRIRP PLHLGALAAR FPLTPLFRVL180
LNSG 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 76:

LGSRRQKGP GRMTAQLVL CPAKRSSCRA PRASIRSGSG FSEFCYQRL CGQLGQPPVR 60
REAASVGRRP GTRQRGEGTR LRPFRPRVVT GHSLGALCPC RRQVAATAAQ CHLHSQSEFL120
SACHALTTLP FQPPFPFRS GLPRSVL 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 77:

VKVTLGRRGC NLPPARAQGP QRVSCNNAGP ERTQPGTFPS LAGARSSSHR RGFSPDGRLT 60
QLPAQPRLVA KLGETRTRTD GGSWGPAATP LRWAENQGLG RHPPRAFLLT TGPKSGSMQG120
SAWASTPAGP PDPRAKAVGG TKPRATRGL HHPLGQWLR GTLVSPEDTG GL 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 78:

IVIISVLHWG ILLEASFQKF CLKKNSGFVL LFQMRYHRGL GLDCHQHTAI LFVCSY 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 79:

LMRATWVKKL PVNSHHFCPS LGNTRGQFP KILLKKEFWF CLTLPDEISQ RLGPRLSAY60
CYTIRLFLLS LIVCNA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(A) LÄNGE: 45 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 80:

QYADDNLGPS LCDISSGRVR QNQNSEFLSRI FGNWFLKVFP NEGQK

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 465 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 81:

EREERQKEPA TVVSGPLRGA SRTGGSPGGC RGRTRQRRRP GNGRGVAASL SSGREVQRVP 60
 HTNVSTVSDA VYPPAHQLLR ENAKAGHPPA LRRQYLRLRG QLLGQRYGPL SEPGSARAYS120
 NSIVRSSRTT LDRMEDFEDD PRALGARGHR RSVSRGSYQL QAQMNRAYE DRPPGSVVPT180
 SAAEASRAMA GDTLSLENYA FAGMYHVFDQ HVDEAVPRVR FANDDRHRLA CCSLDGSISL240
 CQLVPAPPTV LRVLRGHTRG VSDFAWSLSN DILVSTSLDA TMRIWASEDG RCIREIPDPD300
 SAELLCCTFQ PVNNNLTVVG NAKHNVHVMN ISTGKKVKGG SSKLTGRVLA LSFDAPEGRL360
 WAGDDRGSVF SFLFDMATGK LTKAKRLVH EGSPVTSISA RSWVSREARD PSLINACLN420
 KLLLYRVVDN EGTQLKRSF PIEQSSHPVR RSSVPSCPSA RGPAP 465

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 17 946 A 1

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 82:

SSNLLRQALM SSEGSRASRL TQDRAEMLVT GLPSCTTKRL ALVSFPVAIS KRKEKTLPRS 60
SPAQSSRPGA SKDRARTRPV SLLEPPFTFL PVEMFMTCTL CLAFPTTVRL LLTGWKVQQS120
SSALSGSGIS RMQRPSSEAQ MRMVASSEVD TRMSLERDQA KSETPRVWPR STRSTVGGAG180
TSWHREMLPS SEQQARRCRS SLAKRTLGA SSTCWSKT 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 83:

PRRGQWIPTA QPVSPMPWDA SPHPGLFLCS EVPSRPPQSR PKPHVPCPGT AWAMRGASRG 60
RHHHLTAGDP PSPSPLSAPD SLAIARRWPQ QAPRFCSRGA ELADRAPLNR TPSHQPRPCF120
VWPHVSQIF 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 84:

~~APBDLTOHPR BPPGGAWAAP QSHSSTLYLC KALSAVLGG WVGREGLGOA LSSIILWVGO 60~~

EVPPTRLGRL GASASGLVNM YDVLCEFFNQG GASGFPQHNH SLPCPGMPHH TQVSSFALRS120

LQGLEPNPGQS PMCLVQELPG PCEGPAEGAT TT

152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

5

- (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 85:

25

```
FFLEYSFFVF VIFFFFGFCC FVFFFLFFFL VLRKSETREA RQSKAGAGGM GCGSGGPGLP 60
TQLLCCKSGV LVGAISWQWQ VSLEQRGERG WVGPPPSGGG GALCWPLAWP RQFLDKAHGA120
LAWIGEALKG PQSKGRDLGV VRHPRAWKGP VVLWESTGPS LVKKAQHIIH IYQTRSAGPK180
SPQPGRGNLL ANPQRERGES LPQPLPAHPP TPEDCRECFA 220
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

35

- (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 86:

55

```
RMRIANRTRF SSPFLARGAG WTHGRGMMV GTGTSLALSS LLSLLLFAGM QMYSRQLAST 60
EWLTIQGGLL GSGLFVFSLT AFNNLENLVF GKGFQAKIFP EILLCLLLAL FASGLIHRVC120
VTTCFIFSMV GLYYINKISS TLYQAAAPVL TPAKVTGKSK KRN 163
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

60

- (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 87:

WWWVRAPRWR SPPSCPCCSL LGCRCCTAVSW PPPSGSPSRA ACLVRVSSCS RSLPSIIWRI 60
LSLAKDSKQR SSLRFSCASC WLSLHLASST ESVSPPASSS PWLVCTTSTR SPPPCTRQQL120
QSSHQPRSQA RARRETDPEC SIKLILCKKK KKKK 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 184 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 88:

FFFFFFLQRI NFIEHSGSVS LLALACDLGW CEDWSCCLVQ GGGDLVDVVQ TNHGEDEAGG 60
DTDSVDEARC KESQQAQEN LREDLCLESF AKDKILQIIE GSEREHEETR TKQAALDGEPI20
LGGGQLTAVH LHPSKEQQGQ EGGERQRGAR THHHHAPPVS PTGASGQERR AEPGAVSYAH180
ASAL 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 89:

SNQRTIRKGS LSLDDTGPQR GKSDLPKVVS KLLAWQEPST LTERNISPLH CASSSACPLT60
CDVTLKRFPWQ LLAIELPFQN PSTAQCGDRG 90

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 90:

PLSPHWAEG FWKGSSMARS COGLLSVTSQ VRGPAELLAQ CSGEMLRSVR KLGSCHASSL60
LTTLGKSLFP LWGPVSKRLN EPFLMVL 87

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 91:

LLSYLCKMKT GHYPSLKRNW GIPGLPLLLW PKAEQILLYP LPKWNAQCNS SFPYETGRVP60
GPRPGPRLSR HIIASKLKHT SSHNLDLIPN PKF 93

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
60 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 92:

RQYSYSCMGG MLAICDVAEY RKCAKDFKIP MVLHLFDTLH ALCNLLVVAP DNLKQVCSGE60
QLANLDKNIL HSFVQLRADY RSARLARHFS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 93:

NNDWNKTAAL LTFEVLFKVW IPLAIFCFPP LTLNENSILE CRNFRFSKTT CHCFYPRKCC60
CQKAKEMPLV FSVLVLLTYS I 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 94:

SKSAQENNLL IWTRIYFTPS YNFVLIIDL P ALLDTS AEIE FTKEFSVSSF TEECLILQQP 60
SVDRKHRRYL MTQPTFCETM TGTKQQPYLP LRFYLFKFGYH 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 5 (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 95:

25 ERFLLTTCDDGH RACSTYRTIY RTAYRRSPGL APARPRYACC PGWKRTSGLP GACGAAICQP 60
PCRNGGSCVQ PGRRCRCAGW RGDTCQSDVD ECSARRGGCP QRCVNTAGSY WCQCWEGHSL120
SADGTLCPVK GGPRVAPNP TGVD SAMKEE VQRLQSRVDL LEEKLQLVLA PLHSLASQAL180
EHGLPDPGSL LVHSFQQLGR IDSLSEQISF LEEQLGSCSC KKDS 224

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 96:

GPTWPWDVAVG VARVGVARGG FTEKIPAHPM PGSGEPPEEG EEEEEEGPAW PSAQSPRGGF 60
WTPSMLGRGM GAAGRREGLS PAWGAGQSRV FLAGAGPQLL LQEGNLLAQG VDAAELLEGV120
HQAAGVREP MLQCLRGQAV QWGQHQLQLL LQQVHPGLQP LHFFLHCTVH SCRGGHPPGG180
55 PSLGHTECTV CRQAVPLPTL APVTAGGVDA ALGTAAPPST AFIHI 225

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 60 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 97:

VQLAFVQKS RLGSGAGHDG GGYGHLAAL LPPVPAALCW DAGVRPSAGL RRVARRPGR60
AWFG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 98:

FSSRLARRA GWAQGRGMMV VGTGTSIALS SLLSLLLFAG MRVCGRPLAS AGWLAVRGGL60
LGSG 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 99:

TRTKQAPPDG EPPGGGQRTA AHPHPSKEQQ GQEGGERQRG ARTHHHHAPP LSPTGSSGQQ60
TRAE 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- 5 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 100:

25

WVREQGVKLG SACISGPLGN VPFFSVRAQC QCAYGAQRRS HCAAPALPQC ALS

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- 30 (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 101:

50

LAQSALGQGW GSTMSTPLGT ICTLALSSDT EEGDIPKGTR NTGRP

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- 55 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 102:

GPAARLPQVT GPQALASSER TGAGLGQHNH YSSGHHMHTG TEL

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 103:

RMFHGIPATP GIGAPGNKPE LYEEVKLYKN AREREKYDNM AELFAVVKTM QALEKAYIKD 60
CVSPSEYTAA CSRLLVQYKA AFRQVQGSEI SSIDEFCRKF RLDCPLAMER IKEDRPITIK120
DDKGNLNRCI ADVVSLFITV MDKLRLEIPR HG 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(A) LÄNGE: 170 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

RQCKPWRRT SRTVSPPAST LQPAPGSWSN TKLPSSGRSRA QKSALLTNSA ASSAWTARWP 60
WGSRRRTGPS PSRTTRATST AASQTWSRSS SRSWTSCAWR FRAMDEIQPD LRELMETMHR120
MSHLPPDFEG RQTVSQWLQT LSGMSASDEL DDSQVRQMLF DVESATKLNA 170

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

ALSFVADSTS NSICRTCESS SSSDADMLR VCSHWLTVWR PSKSGGRWLM RCMVSISSRR 60
SGWISSMARN LQAQLVHHRD EERDHVCDAA VEVALVVLDG DGPVLLDPLH GQRAVQAE120
AEFVNRADF 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

RAGGGGGQYC ERGEAAQGE PQHELAGHAA LHAAPARDHP QAGQRVGALP AGEQDFEPDS 60
RHAAAGQQVQ GPGAQVPAPG HTGPQPIRDH RAVEHCQRV PSARPVPQPP PAAPPRVYQP120
PTYNRIINQI STNEIQSDQN LKVLPPPLPT MPTLTSLPSS TDKPSGPWRD CLQALDGH180
TSSIYLVKPE NTNRLMQVWC DQRHDPGGWT VIQRRLDGSV NFFRNWETK QGFGNIDGEY240
WLGLENIYWL TNQGNKLLV TMEDWSGRKV FAEYASFRLE PESEYKRLR GRYHGNAGDS300
FTWHNGKQFT TLD RDHDVYT GNCAHYQKGG WYNACAHSN LNGVWYRGGH YRSRYQDGVY360
WAEFRGGSYS LKKVMMIRP NPNTFH 386

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 338 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 17 946 A 1

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

VRASSELSPV DSVLVAAPVM APAVPDPVEV GVGTVGIPPA SLLVVGTVSC VDIMISVQGG 60
ELLAVVPCKG VTRIAMPAPQ PQLIILALRF QAETGVFCKD FAAGPVLHGH QEFVVALVRQ120
PVNVLQAQPV FAVNVPKPLL VRLPVPEEVN RAIQASLDDG PAPGVVSLVA PHLHEAVGVL180
RLHQVDGAGV VAILQGLQAV SPWARRLVGG RWEAGESGHS GQRGWQHLQV LVTLDLVGRD240
LVDDAVVGGW LVDPRGSGG WLGDGPGRGH PLAVLLNCAM ISDWLWASVA RCWYLCRSRL300
YLLASCMSA VWFRIFFSSW ESSNALSRLR MISCRSCM 338

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

SKTGEEERSE REGKPEIEGK PESEGEPPSE TRAAGKRPAE DDVPRKAKRK TNKGLAHYK 60
EYKEAIHDMN FSNE DMIREF DNMAKVQDEK RSKQKLGAF LWMQRNLQDP FYPRGPREFR120
GGCRAPRDI EDIPYV 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

ISLHPQKRPO FLFAFSLIL HLSHIVKFSY HVLIAEIIM YGLFILLEVM SQPLISFSFG60
 FPGYIILSWA LSCSPCFTPW LSFTLWLSLY LWFSLSL 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 398 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

QDGGRRQWRW WEAQSKSDAD SGFLGLRPTS VDPALRRRRR GPRNKKRGWR RLAQEPLGLE 60
 VDQFLEDVRL QERTSGGLS EAPNEKLFFV DTGSKEKGLT KKRTKVQKKS LLLKKPLRVD120
 LILENTSKVP APKDVLAHQV PNAKKLRRKE QLWEKLAKQG ELPREVRRQA ARLLNPSATR180
 AKPGPDQTV E RPFYDLWASD NPLDRPLVGQ DEFFLEQTKK KGVKRPARLH TKPSQAPAVE240
 VAPAGASYNP SFEDHQTLIS AAHEVELQRQ KEAEKLERQW PCPPRSRPPP RSPHSRSCAR300
 GCWRSRMVRG SQARARGRRW GCRGLSHARP PGHHREEDGA AAAAGEGCAQ AAGTAGRVAG360
 RPAPAPGAVP AARDQGPGGP EAGGTGAAAE AAAGAAGG 398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 307 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

WQLQLDLTER PLLHQLHLVL AFELGSLSRL DHIPPLEALE PVSKDVALGL QGPERVCQLR 60
 AQLHVDVRCL VLEPSQPSGL VLSLPPRLP PPPPPRQSRQ PQGHLGLDPA QPEQLLVPEP120
 GGPQRGLLYP QPVHSLLPFP LLLRLLLCGG QAGGRGTDLG IPTSGPSPWP GSPSPSDSSS180
 SPSHSSWNVD SWVAACSVAG RATAAPASPP PSAAATPPRG PLRAGSGGLQ RMDCKLRQA240
 PPPRRAPGTA WCAGVLAASL LSSWSAPGKT HPGQPTACPG GCLRPRGRRR AALRCPGARA300
 WPLLQKG 307

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

EDVPVTFVGA SEQSEVLCLF LEVLLPDFLD LSQVEDSFYQ LPEVDLHQVR GLVFQGKATQ 60
VWVAFGDTDV WTRTRPGALG HLVELISLWP GSALSSGQIL QHFPATFSG 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

TPSASLFPSI LGEREARSTP APTGLSAPLS FIPRHFRPKG AGSTTVKIVL KEKHKKACVH 60
GGKTYSHGEV WHPAFRAFGP LPCILCTCED GRQDCQVTC PTEYPCRHPK KVAGKCKIC120
PEDKADPGHS EISSTRCPKA PGRVLVHTSV SPKAQTTCA LPWNTRPRTW WRSTSGSW 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 17 946 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

10 PVPPSTPAVT PRKWLGSAAR FAQRTKQTLA TVRSVLEGPV RHRAGSSSTH RYPQRPRQPA 60
SLCPGTRGLG LGGDPFLEAG KRNLPLDSDQ ESQEARLPER GTALPTARWP PRRSLERLPS120
PDPGAEHGQ SRQSDQDITK T 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

15

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

35

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAASFLI FLKTVCF CGM YICTPNYLAL 60
GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTS D FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

40

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 116:

60

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSR LIN SHRIQTPGKI ALRSQ L LSSL YGSRKNSTKM60
TGH PMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

65

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren	
(B) TYP: Protein	
(C) STRANG: einzel	5
(D) TOPOLOGIE: linear	
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF	
(iii) HYPOTHETISCH: ja	10
(vi) HERKUNFT:	
(A) ORGANISMUS: MENSCH	15
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 117:	20
SCRCFYCMPD MPLTRFWRTF NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQEMERKHF60	
SFLHTTPLDN WKYFWITIL GYF	83

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID. No. 1-20.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID. No. 1-20, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID. No. 1-62, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusnormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-62, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirts-

zellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID. No. 1–62 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. ORF 63–117.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 63–117, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID. No. 62 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor verwendet werden können.

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID. No. 1–20 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID. No. 63–117 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uterustumor.

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID. No. 63–117, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID. No. 63–117.

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstrukt, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den CDNAs der Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID. No. 62.

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

Systematische Gen-Suche in der Ircyte LifeSeq Datenbank

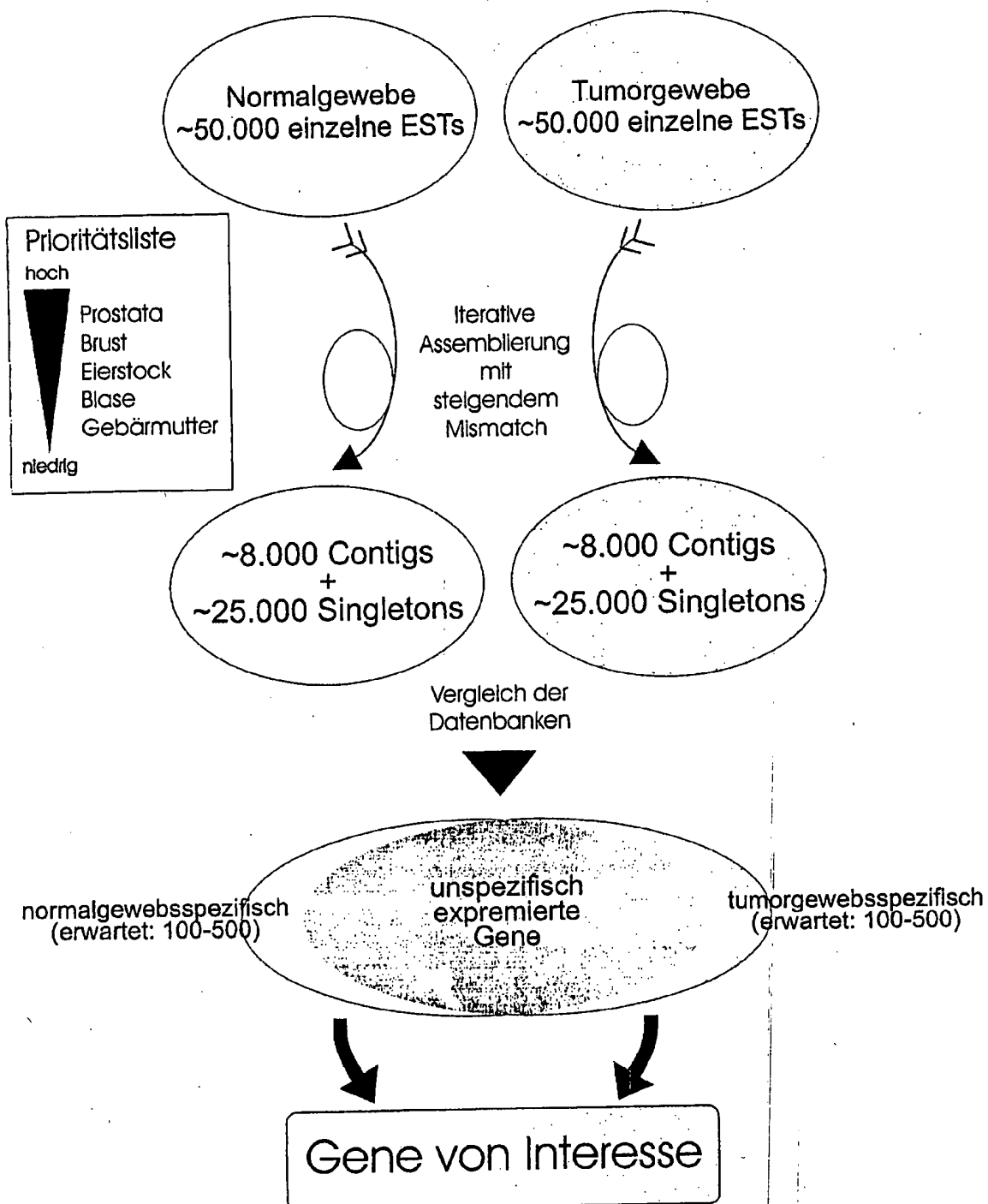


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

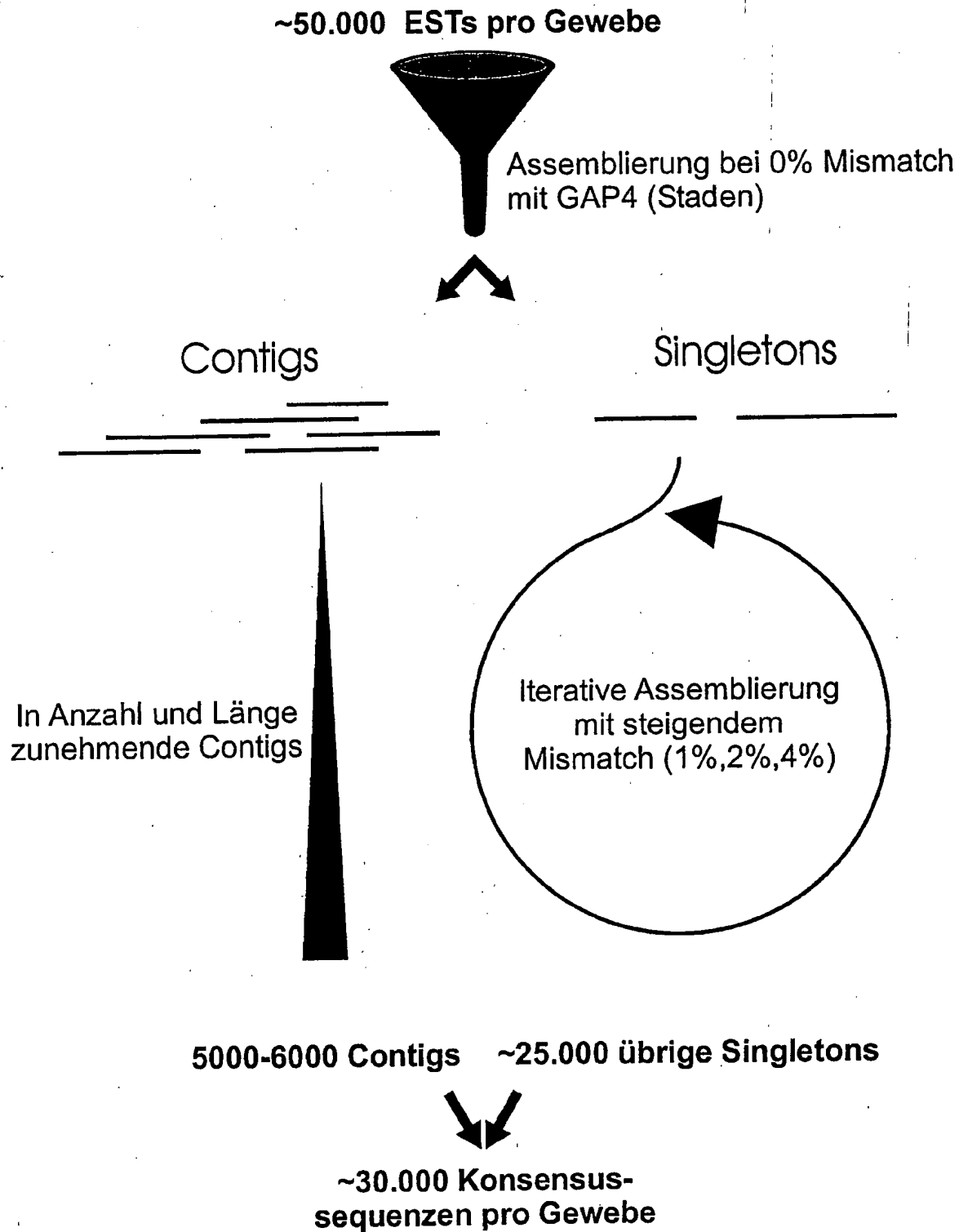


Fig. 2a

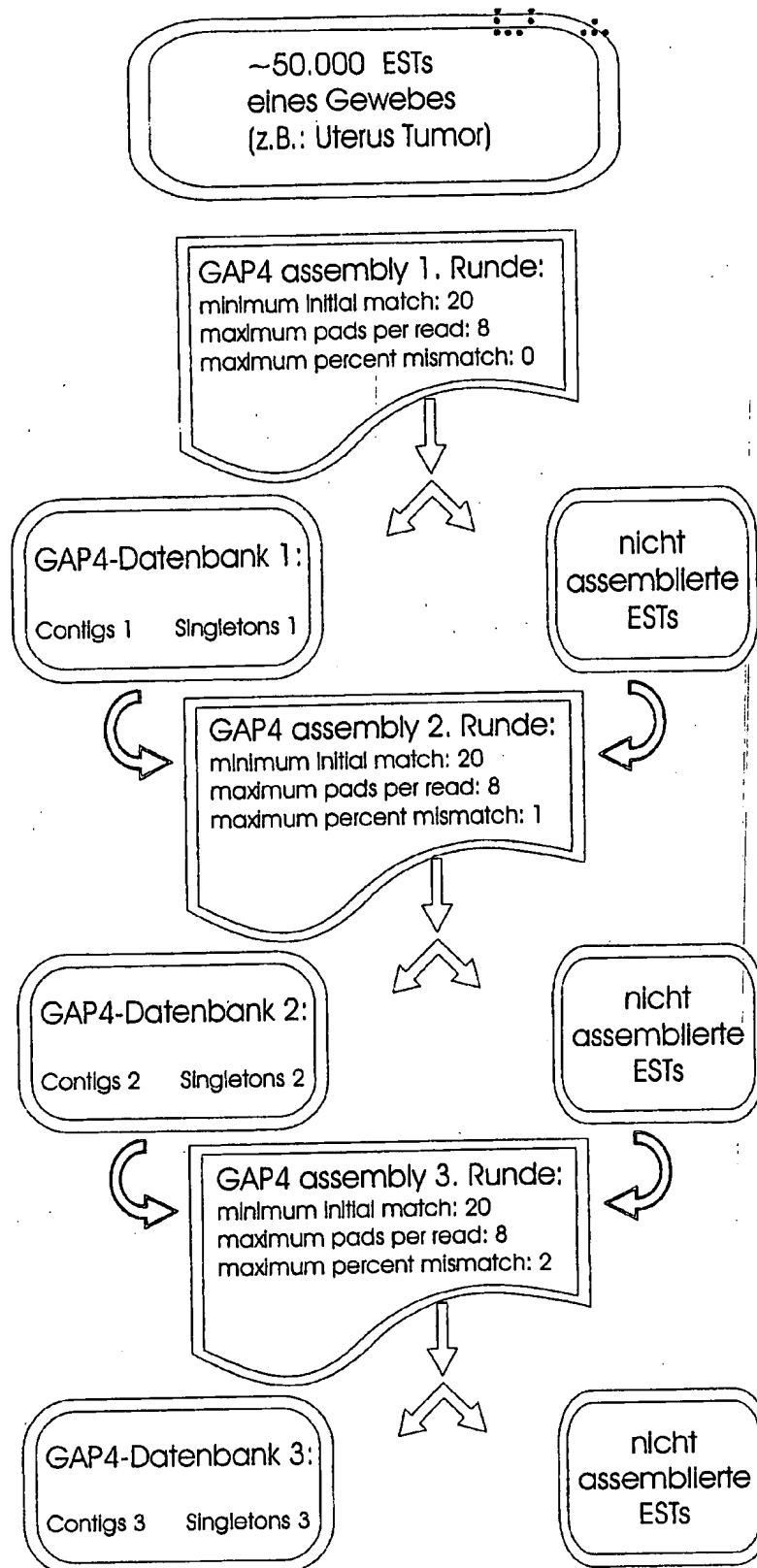


Fig. 2b1

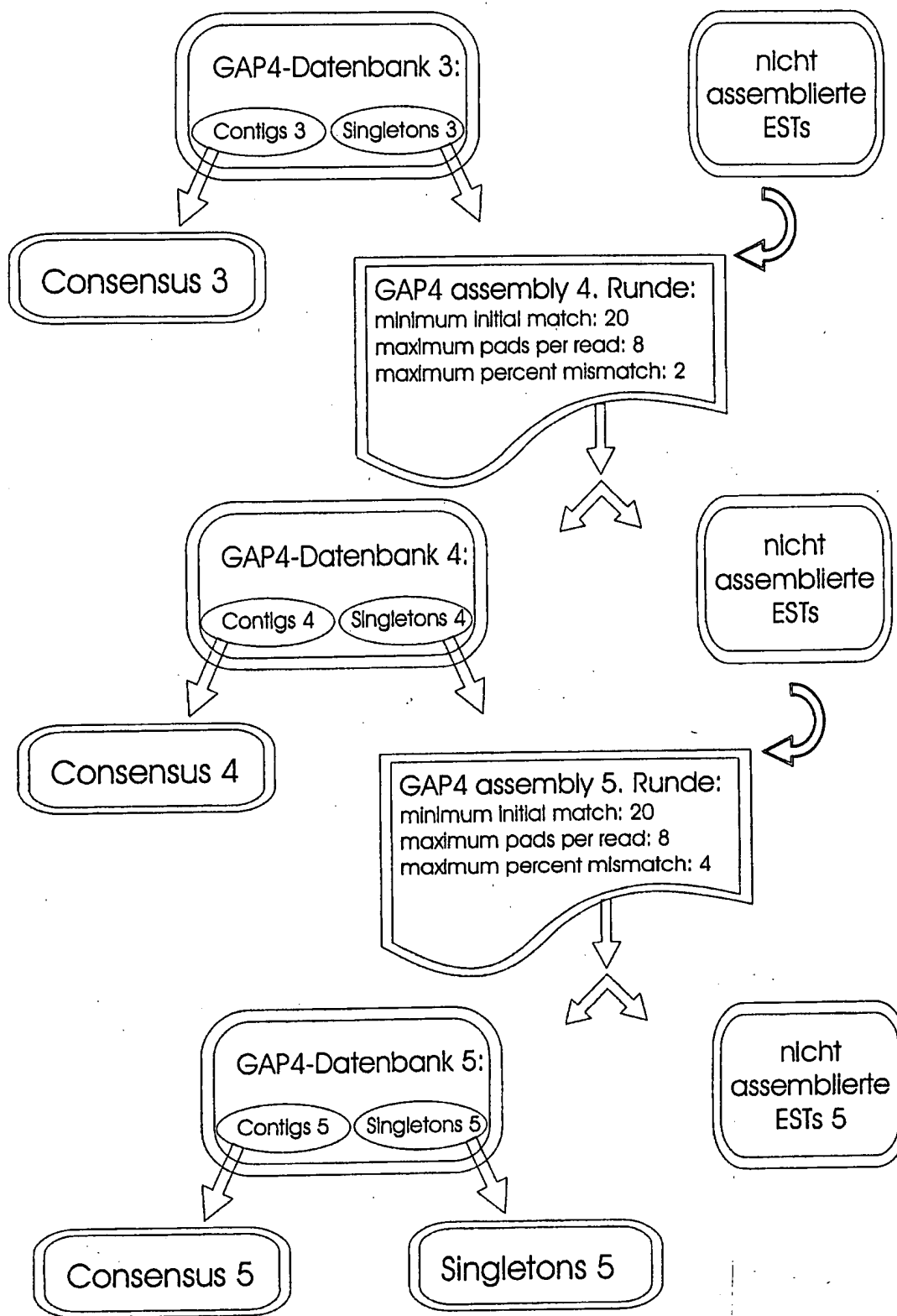


Fig. 2b2

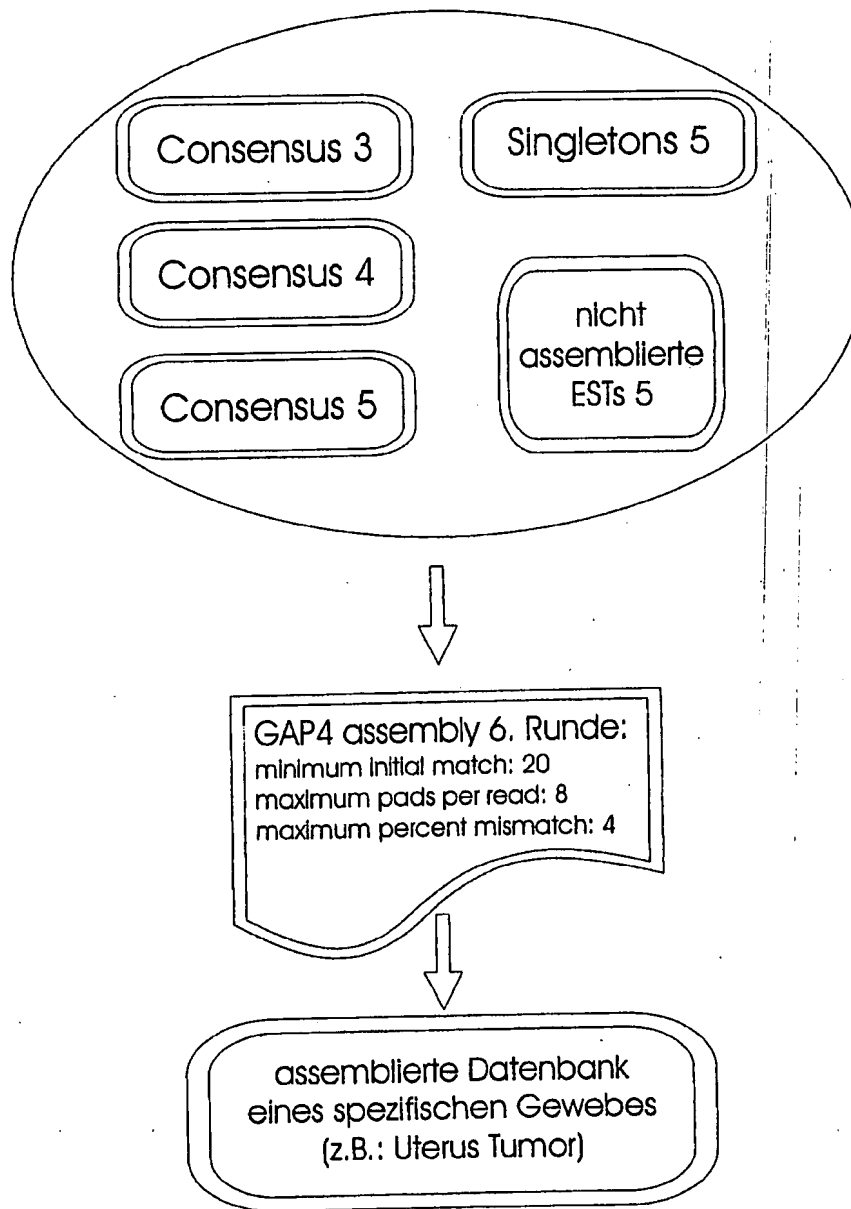


Fig. 2b3

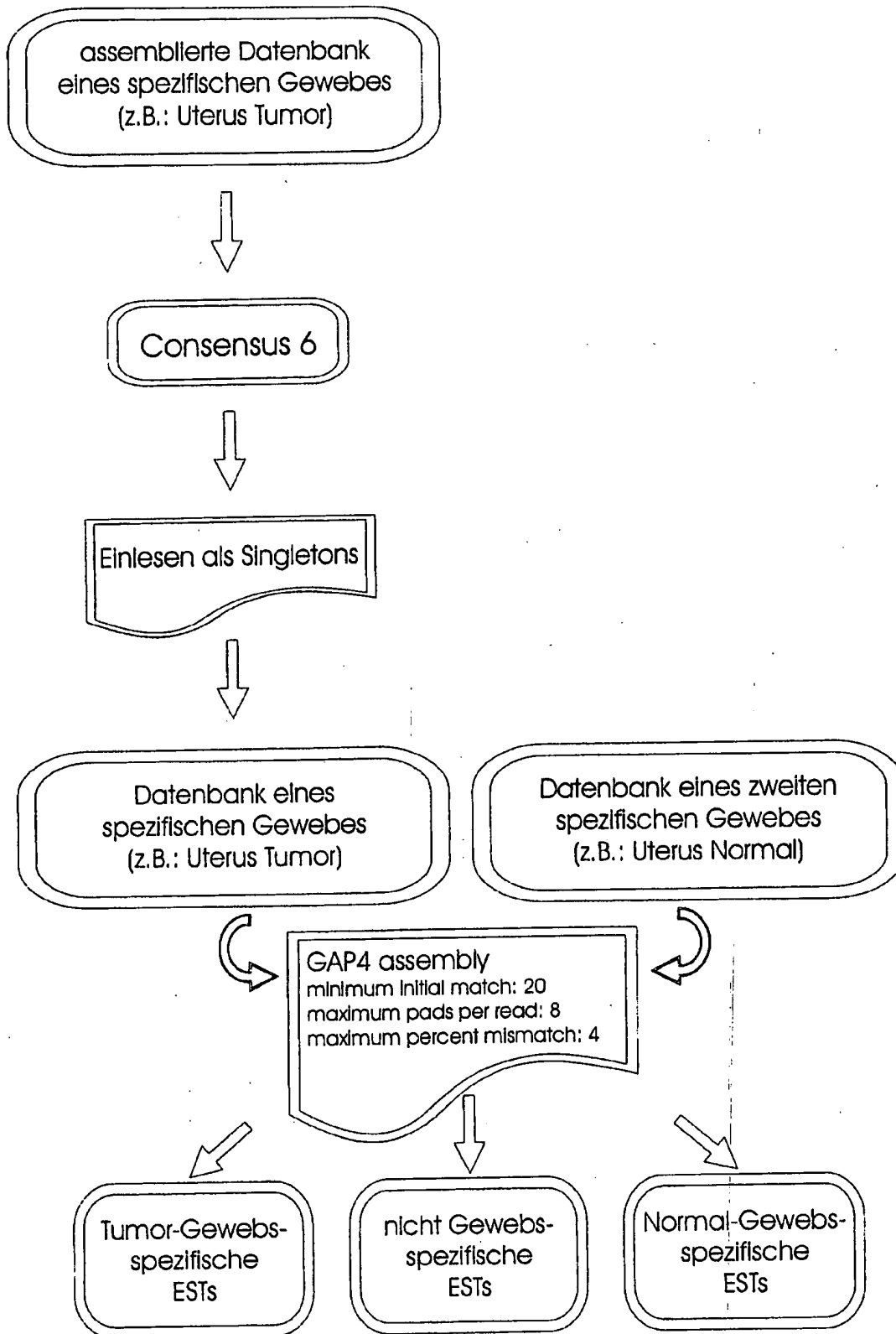


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

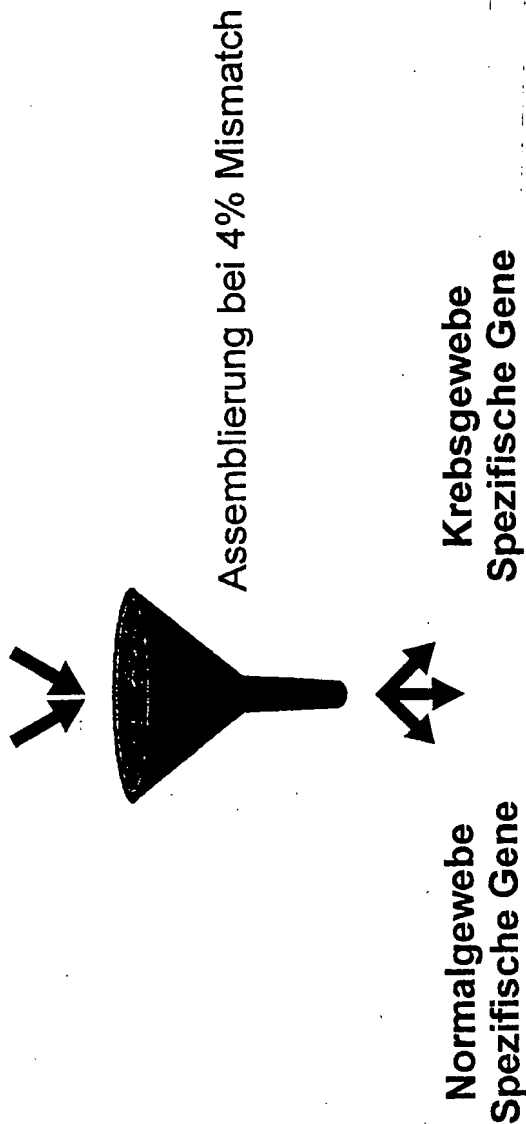


Fig. 3

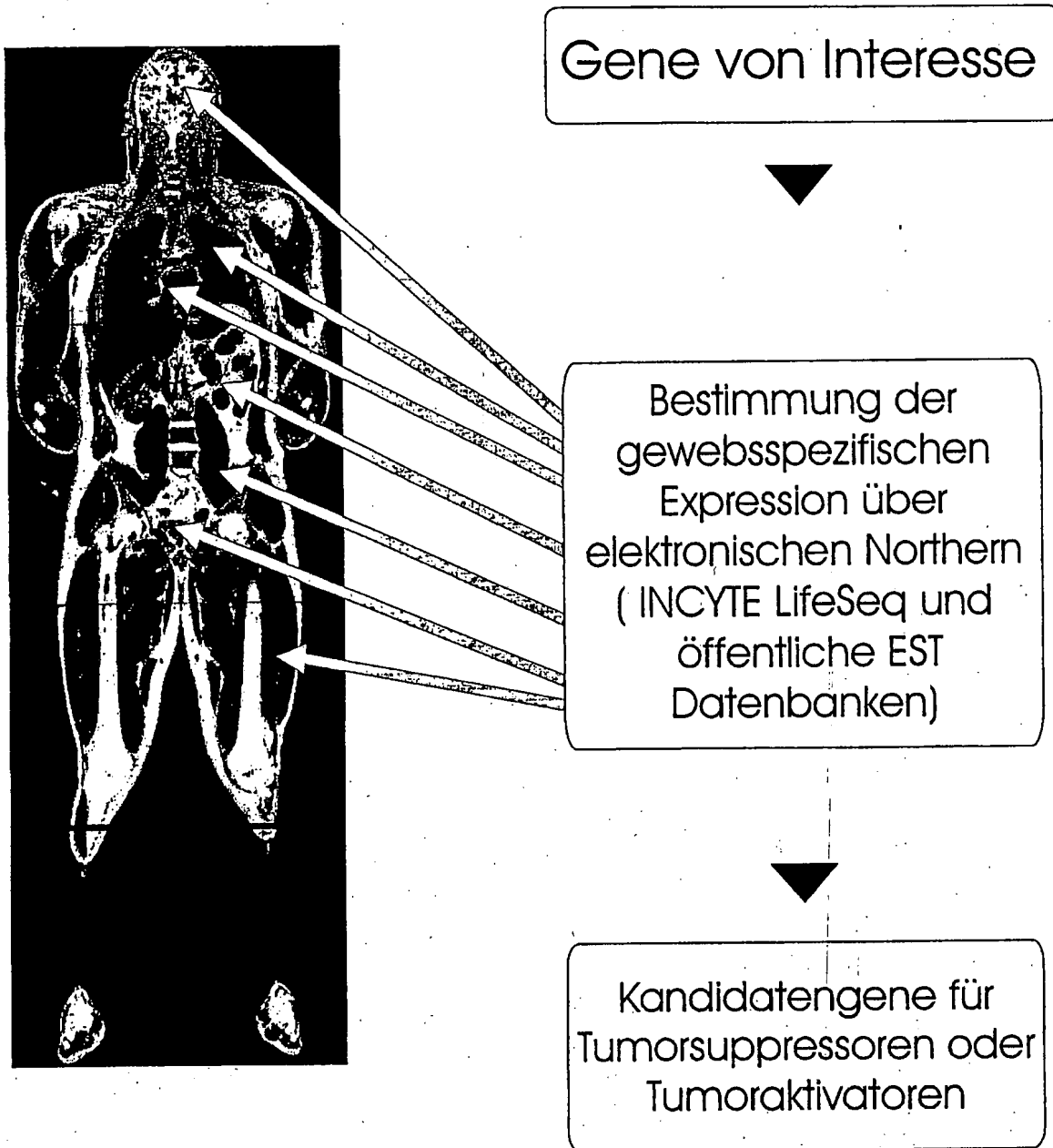


Fig. 4a

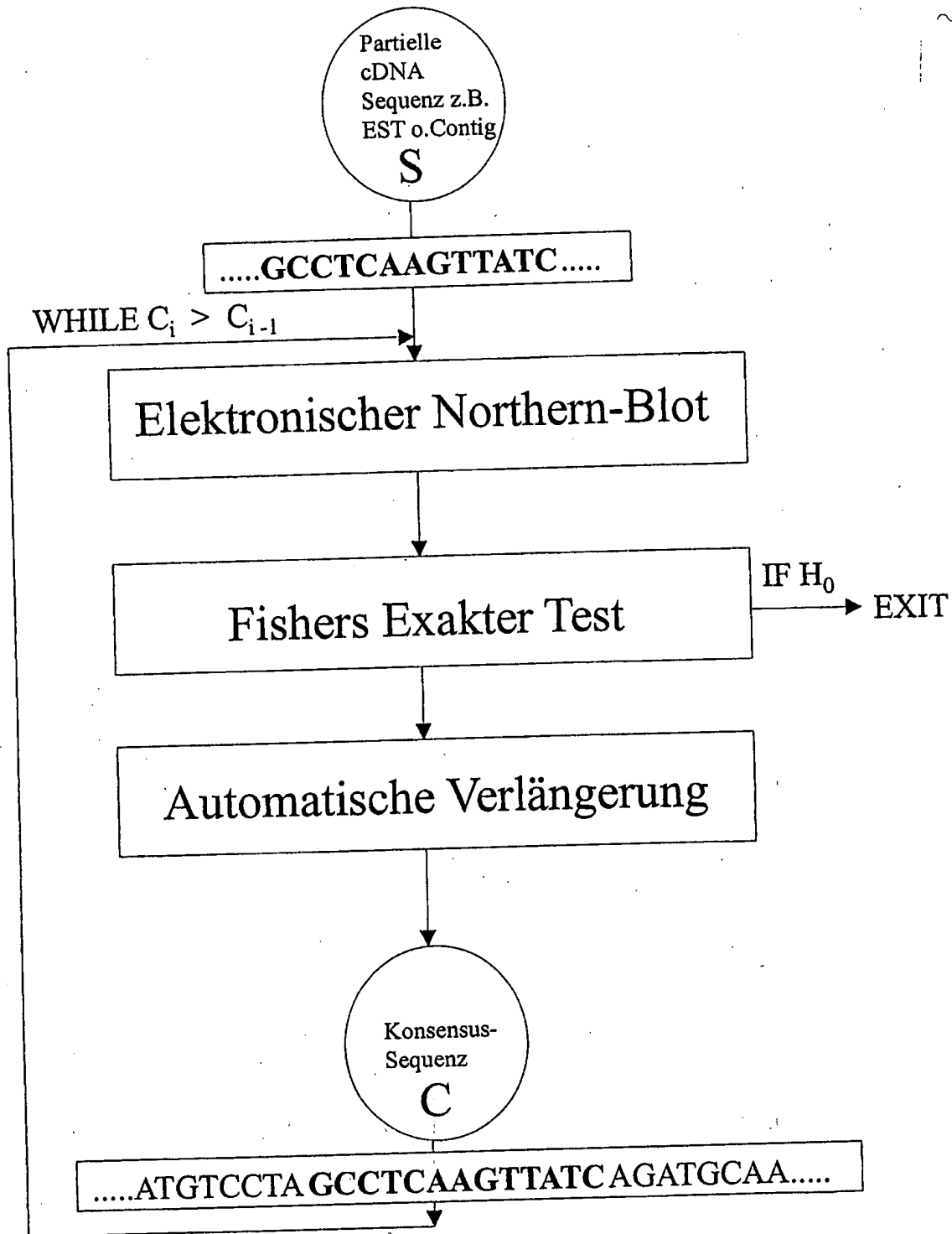


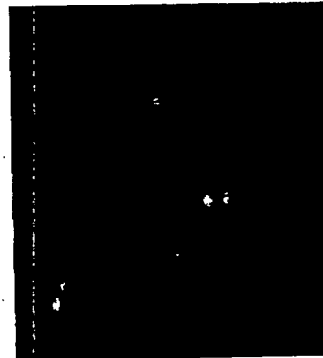
Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☒ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☒ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☒ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:**

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.